

Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2015

Datenstand: 1. März 2016

Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2015

Datenstand: 1. März 2016

Vorwort

Wenn Sie diese Zeilen lesen, halten Sie das aktuelle Infektionsepidemiologische Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2015 in Ihren Händen. Damit ist auch die Frage geklärt, ob das Jahrbuch in seiner aktuellen Form immer noch zeitgemäß ist – wir haben sie positiv beantwortet. In Anbetracht der zunehmenden Digitalisierung und der damit einhergehenden Möglichkeiten der Aufbereitung und Visualisierung von Informationen überlegen wir immer wieder aufs Neue, ob die gedruckte Form langfristig Bestand haben wird. Wir sind überzeugt, dass die jährliche Betrachtung des Trends der Infektionskrankheiten, die wir in unserem Meldesystem erfassen, sehr wichtig ist, denn nur so können wir Entwicklungen erkennen, bewerten und auch darauf reagieren. Auch ist dies eine Möglichkeit, den Partnern im Meldesystem, den Meldenden selbst sowie den Kolleginnen und Kollegen im Öffentlichen Gesundheitsdienst zu spiegeln, dass ihre Arbeit bei der Erfassung und Übermittlung von meldepflichtigen Krankheiten eine wichtige Bedeutung hat. Ob die gedruckte Buchform – auch wenn sie im neuen Layout erscheint – die nächsten Jahre überdauern wird, werden wir gemeinsam mit Ihnen, den Leserinnen und Lesern, entscheiden.

In diesem Jahrbuch hätten wir gerne alle Daten gemäß den seit Anfang 2015 geltenden neuen Falldefinitionen dargestellt und ausgewertet. Die Falldefinitionen geben die Standards bei der Erfassung und Übermittlung von gemeldeten Erkrankungen bzw. von Labornachweisen bundesweit vor. Aufgrund der verzögerten Umstellung der Software in den Gesundheitsämtern fanden die

neuen Falldefinitionen allerdings nur bei einem Teil der erfassten und übermittelten Fälle ihre Anwendung. Dies spiegelt sich in einer heterogenen Datenlage und einer eingeschränkten Vergleichbarkeit der Daten wider. Aus diesem Grund haben wir für Krankheiten, bei denen 2015 große Änderungen der Falldefinitionen erfolgt sind, gesondert dargestellt, wie viele Fälle nach der alten bzw. neuen Falldefinition übermittelt wurden. Ebenso ist dargestellt, wie sich dies auf die publizierten Daten auswirkt. Trotzdem erschweren Falldefinitionsänderungen die essentielle Bewertung von Trends. Die heterogene Datenlage kann durch eine schnelle Umstellung auf aktuelle und durch das RKI vorgegebene Standards mit entsprechenden Softwareprogrammen in den Gesundheitsämtern verbessert werden.

Mir ist es ein besonderes Anliegen, all jenen zu danken, denen Sie und ich das vorliegende haptische Vergnügen zu verdanken haben: Allen meldenden Ärztinnen und Ärzten im ambulanten Bereich und in den Krankenhäusern, den Verantwortlichen in den Laboren und vor allem den Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern der Gesundheitsämter sowie der Landesbehörden. Und natürlich auch allen Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern in unserem RKI. Sie alle tragen durch ihre kontinuierliche Arbeit dazu bei, dass unser Surveillance-System ein wichtiger Bestandteil eines effektiven Infektionsschutzes der Bevölkerung ist.

Prof. Dr. Lothar H. Wieler
Präsident des Robert Koch-Instituts, Berlin

Inhalt

Vorwort	3
Inhalt	5
Beteiligte Mitarbeiter	7
Abkürzungen	8
1 Zusammenfassung/Executive Summary	11
2 Meldewesen und Erhebung der Meldedaten	13
2.1 Gesetzliche Grundlagen	13
2.2 Datengrundlage	19
2.3 Veröffentlichung der Meldedaten	26
3 Datenqualität	27
3.1 EDV-technische Unterstützung	27
3.2 Qualitätsmanagement	28
3.3 Vollzähligkeit der Erfassung	30
3.4 Vollständigkeit der Datensätze	31
3.5 Zeitnähe	32
3.6 Prozentuale Ergebnisdarstellung	34
4 Krankheitsübergreifende Auswertung	35
4.1 Inzidenzen	35
4.2 Verteilung nach krankheitsübergreifenden epidemiologischen Aspekten	35
4.3 Klinische Aspekte	39
5 Ausbrüche	43
5.1 Häufigkeit und Dauer der Ausbrüche	44
5.2 Gruppen von Ausbrüchen	44
6 Spezielle Krankheiten	51
6.1 Adenovirus-Konjunktivitis	51
6.2 Botulismus	54
6.3 Brucellose	55
6.4 Campylobacter-Enteritis	56
6.5 Cholera	59
6.6 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)	60
6.7 Denguefieber	62
6.8 Diphtherie	65
6.9 Echinokokkose	66
6.10 EHEC-Erkrankung	69
6.11 Fleckfieber	74
6.12 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)	74

6.13	Giardiasis	79
6.14	Haemophilus influenzae, invasive Erkrankung	82
6.15	Hantavirus-Erkrankung	86
6.16	Hepatitis A	89
6.17	Hepatitis B	94
6.18	Hepatitis C	100
6.19	Hepatitis D	106
6.20	Hepatitis E	108
6.21	HIV-Infektion	110
6.22	HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch	116
6.23	Influenza	119
6.24	Keuchhusten	127
6.25	Kryptosporidiose	133
6.26	Läuserückfallfieber	137
6.27	Legionellose	138
6.28	Lepra	144
6.29	Leptospirose	144
6.30	Listeriose	146
6.31	Malaria	151
6.32	Masern	155
6.33	Meningokokken, invasive Erkrankung	162
6.34	Milzbrand	168
6.35	MRSA (Methicillin-resistenter Staphylococcus aureus), invasive Infektion	168
6.36	Mumps	172
6.37	Norovirus-Gastroenteritis	177
6.38	Ornithose	181
6.39	Paratyphus	182
6.40	Pest	183
6.41	Poliomyelitis	184
6.42	Q-Fieber	184
6.43	Rotavirus-Gastroenteritis	187
6.44	Röteln	192
6.45	Salmonellose	197
6.46	Shigellose	200
6.47	Syphilis	204
6.48	Tollwut	208
6.49	Toxoplasmose, konnatale Infektion	209
6.50	Trichinellose	210
6.51	Tuberkulose	210
6.52	Tularämie	215
6.53	Typhus abdominalis	216
6.54	Virale hämorrhagische Fieber	218
6.55	Windpocken	221
6.56	Yersiniose	225
6.57	Zusätzliche Krankheiten von aktueller Bedeutung	229
7	Stichwortverzeichnis	231
	Impressum	233

Autoren

Sandra Beermann
Susanne Behnke
Viviane Bremer
Udo Buchholz
Silke Buda
Wei Cai
Michaela Diercke
Tim Eckmanns
Werner Espelage
Mirko Faber
Gerd Falkenhorst
Christina Frank
Barbara Gunsenheimer-Bartmeyer
Sebastian Haller
Joana Haußig
Jane Hecht
Wiebke Hellenbrand
Andreas Jansen
Klaus Jansen
Basel Karo
Anja Klingeberg
Judith Koch
Kristin Kocksch
Gerit Korr
Raskit Lachmann
Yanina Lenz
Ulrich Marcus
Dorothea Matysiak-Klose
Kai Michaelis
Astrid Milde-Busch
Angela Neumeyer-Gromen
Emilie Peron
Annicka Reuss
Bettina Rosner
Anika Schielke
Viktoria Schönfeld
Jakob Schumacher
Juliane Seidel
Anette Siedler
Klaus Stark

Gyde Steffen
Janine Thoullass
Sabine Vygen-Bonnet
Ole Wichmann
Jan Walter
Miriam Wiese-Posselt
Hendrik Wilking
Ruth Zimmermann

Redaktion

Doris Altmann
Hermann Claus
Michaela Diercke
Andreas Gilsdorf
Astrid Milde-Busch
Inge Mücke
Sabine Ritter

Weitere Mitarbeiter

Christian Kollan
Alexandra Holzer
Kristin Kocksch
Kerstin Prahm
Ute Preuß
Nadine Püschel
Andrea Sailer
Alexander Zapf

Abkürzungen

AGI	Arbeitsgemeinschaft Influenza
AIDS	Acquired Immune Deficiency Syndrome (erworbenes Immundefizienz-Syndrom)
AK	Antikörper
CJK	Creutzfeldt-Jakob-Krankheit
ECDC	European Centre for Disease Prevention and Control
EHEC	Enterohämorrhagische <i>Escherichia coli</i>
ELISA	Enzyme Linked Immuno Sorbent Assay
FD	Falldefinition
FSME	Frühsommer-Meningoenzephalitis
HBV	Hepatitis-B-Virus
HCV	Hepatitis-C-Virus
HIV	Humanes Immundefizienz-Virus
HUS	Hämolytisch-urämisches Syndrom
IfSG	Infektionsschutzgesetz
IFT	Immunfluoreszenztest
IGV	Internationale Gesundheitsvorschriften
IPV	Inaktivierte Polio-Vakzine
i. m.	intramuskulär
i. v.	intravenös
LK	Landkreis
KBR	Komplementbindungsreaktion
MERS-CoV	Middle-East Respiratory Syndrome Coronavirus
MRSA	Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i>
MSM	Männer, die Sex mit Männern haben
NAT	Nukleinsäure-Amplifikationstest
NRZ	Nationales Referenzzentrum
OPV	Orale Poliovakzine
PFGE	Pulsfeld-Gelelektrophorese
RD	Referenzdefinition
RKI	Robert Koch-Institut
RNA	Ribonucleic acid (Ribonukleinsäure)
SK	Stadtkreis bzw. kreisfreie Stadt
spp.	Spezies (pl.)
STI	Sexually Transmitted Infections
STIKO	Ständige Impfkommission am Robert Koch-Institut
subsp.	Subspezies
SurvNet@RKI	Software zur Eingabe, Verwaltung, Übermittlung und Auswertung von Meldedaten für den Öffentlichen Gesundheitsdienst, die vom RKI entwickelt wurde
SurvStat@RKI	Software zur Auswertung von Meldedaten, die das RKI der Fachöffentlichkeit online im Internet zur Verfügung stellt
vCJK	variante Creutzfeldt-Jakob-Krankheit
WHO	World Health Organization (Weltgesundheitsorganisation)
VZV	Varicella-Zoster-Virus
ZNS	Zentralnervensystem

1 Zusammenfassung

Im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch werden die an das Robert Koch-Institut übermittelten Daten zu meldepflichtigen Infektionskrankheiten zusammengestellt und bewertet.

Im Jahr 2015 wurden die Falldefinitionen aktualisiert. Dies hat insbesondere für diejenigen Übermittlungskategorien, bei denen sich die Referenzdefinition geändert hat, z. B. **Hepatitis B**, Einfluss auf die Fallzahlen und sollte bei der Bewertung des Trends berücksichtigt werden. Zudem ist die technische Umsetzung der Falldefinitionen in den Gesundheitsämtern nur nach und nach erfolgt, sodass ein Teil der Fälle noch gemäß alter und der andere Teil gemäß aktualisierter Falldefinition übermittelt wurden. Zur besseren Bewertung der veröffentlichten Daten werden für die betreffenden Krankheiten die Übermittlungszahlen nach alter und neuer Falldefinition differenziert dargestellt.

Unter den impfpräventablen Krankheiten gehören **Windpocken** mit über 23.000 und **Keuchhusten** mit 9.000 Erkrankungen zu den 10 zahlenstärksten übermittlungspflichtigen Krankheiten des Jahres. Der seit 2008 zu beobachtende rückläufige Trend der **Rotavirus-Gastroenteritiden** insbesondere bei den <2-jährigen Kindern setzt sich weiter fort. Vermutlich ist dies das Ergebnis der gesteigerten Inanspruchnahme der Rotavirus-Impfung, die seit Sommer 2013 von der Ständigen Impfkommission am Robert Koch-Institut (STIKO) für Säuglinge empfohlen wird. Die Elimination der **Masern** ist ein wichtiges gesundheitspolitisches Ziel. Leider hat es im Jahr 2015 durch die Fortsetzung eines großen Ausbruchsgeschehens vom Vorjahr fast 2.500 Masern-Erkrankungen gegeben. Damit hat Deutschland mit einer Inzidenz von 3,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner das Eliminationsziel der Weltgesundheitsorganisation (WHO) von <0,1 erneut weit verfehlt.

Die Inzidenz der für 2015 übermittelten **Listeriosen** war die höchste seit Einführung des Infektionsschutzgesetzes (IfSG) 2001. Dies lag aber vor allem an der Übermittlung von 79 Listeriose-Gastroenteritiden, die im Rahmen eines großen Ausbruchs übermittelt wurden, der sich auf kontaminierten Milchreis zurückführen ließ.

Die Epidemiologie der **Salmonellose** ist seit Jahren von einer deutlichen Abnahme der Fallzahlen geprägt, die primär, aber nicht ausschließlich, durch einen Rückgang der Zahlen für *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* gekennzeichnet ist. Damit einhergehend ist auch ein Rückgang der Salmonellose-Ausbrüche zu beobachten.

Im Gegensatz zu anderen bakteriellen lebensmittelbedingten Krankheiten wie Salmonellosen oder Yersiniosen hat die Zahl der übermittelten **Campylobacter**-Enteritiden in den letzten Jahren zugenommen. Die Anzahl der übermittelten Erkrankungen (70.190) war 2015 wieder fast so hoch wie im Vorjahr.

Die Anzahl der **Hepatitis-E**-Erkrankungen ist im Jahr 2015 noch einmal deutlich angestiegen. Insgesamt wurden dem RKI über 1.200 Fälle übermittelt. Gegenüber dem Vorjahr entspricht dies einer erneuten Zunahme um fast 50%. Damit setzt sich der Trend der letzten Jahre weiter fort. Neben vermehrter Diagnosestellung kommt auch eine tatsächliche Zunahme der Erkrankungen in Deutschland in Betracht.

Der in den letzten Jahren beobachtete Anstieg der Anzahl gemeldeter **Syphilis**-Fälle setzte sich im Jahr 2015 unvermindert fort. Mit weniger als 7.000 ist sie im Vergleich zum Vorjahr um fast ein Fünftel gestiegen. Insbesondere städtische Ballungszentren wiesen hohe Inzidenzen auf, auch hier zum Teil mit deutlichen Anstiegen gegenüber dem Vorjahr.

Auch die Zahl der gemeldeten **HIV**-Neudiagnosen ist erneut gestiegen und zwar um 5% im Vergleich zu 2014 auf über 3.600. Der Anstieg beruhte im Wesentlichen auf einer Zunahme von HIV-Neudiagnosen bei Menschen afrikanischer und osteuropäischer Herkunft.

Nach der Pandemie im Jahr 2009 wurden für das Jahr 2015 die meisten **Influenza**-Erkrankungen seit Einführung des IfSG übermittelt. Bundesweit erreichten die Zahlen um die 9. Meldewoche ihren Höhepunkt. Die bundesweite Inzidenz übermittelter Influenza-Erkrankungen betrug 96 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit 10-mal höher als im Vorjahr (9,3), das sich durch eine ungewöhnlich niedrige Grippeaktivität auszeichnete.

Deutschland ist ein Niedriginzidenzland für **Tuberkulose**. Nachdem die Erkrankungszahlen seit 2008 bei etwa 4.400 stagnierten, wurde 2015 ein deutlicher Anstieg auf 5.865 beobachtet. Die gegenwärtigen Zahlen werden durch demographische Entwicklungen und die aktuellen Migrationsbewegungen beeinflusst.

Die Inzidenz der übermittelten invasiven **MRSA**-Infektionen ist im Jahr 2015 zum dritten Mal in Folge gesunken. Die epidemiologische Situation nicht-invasiver MRSA-Infektionen oder von MRSA im ambulanten Bereich wird durch die erhobenen Surveillance-Daten aber nicht widerspiegelt.

Executive Summary

This Annual Report provides a summary of notifications of infectious diseases for 2015.

The case definitions for notifiable diseases were updated in 2015. This is particularly relevant for those diseases where the reference definition has changed and must be taken into consideration when interpreting disease trends, e.g., **hepatitis B**. In addition, technical implementation of these changes has occurred over a period of time in the local health departments meaning that a proportion of cases were reported according to the older case definitions. Therefore data has been presented according to both the historic and the new case definitions to facilitate interpretation.

The vaccine preventable diseases **chickenpox** and **whooping cough** (with 23,000 and 9,000 cases respectively) were among the ten most commonly reported notifiable diseases in 2015.

The declining trend in **rotavirus gastroenteritis** has continued, with the most marked changes in children under 2 year old. This is presumed to be a consequence of increased uptake of rotavirus vaccination as recommended for infants since summer 2013 by the STIKO (the German Permanent Vaccination Commission).

Elimination of **measles** is an important health policy aim. Unfortunately a large ongoing outbreak has contributed to a total of almost 2,500 cases in 2015. This represents an incidence of 3.1 cases per 100,000 population meaning that it remains far above the WHO elimination target of <0.1 per 100,000.

The incidence of **listeriosis** in 2015 was the highest recorded, since the introduction of the Act on the Prevention and Control of Infectious Diseases in 2001. This was largely due to an outbreak of 79 cases of listeria gastroenteritis which were linked to the consumption of contaminated rice pudding.

There has been a continued steady decline in the number of **Salmonella** cases reported. This has been mainly due to decreasing numbers of *S. Enteritidis* and *S. Typhimurium* infections. This has been paralleled by a fall in the number of *Salmonella* outbreaks.

In contrast to other causes of bacterial food-borne illnesses such as Salmonellosis and Yersiniosis, the number of cases caused by **Campylobacter** infections had increased over recent years. In 2015 the number of notified illnesses remained almost as high as in the previous year (70,190).

Over 1,200 **hepatitis E** cases were notified to RKI in 2015. There has been an upward trend in the number of cases in recent years. In 2015 there was an increase of almost 50% compared to the previous year. An increase in rates of diagnosis and a real underlying increase in the number of cases should be considered as possible contributory causes.

Increases in the number of **syphilis** cases observed in recent years have also continued in 2015. With nearly 7,000 cases there has been an increase of just under a fifth. Urban areas in particular have shown a high incidence, with some areas showing marked increases since last year.

The number of newly diagnosed **HIV** cases rose to over 3,600 in 2015. This represents an increase of 5% compared to 2014. This is largely due to increases in new diagnoses in people of African and eastern European origin.

A high number of **influenza** cases was reported in 2015. This was one of the highest numbers reported since the introduction of the Act on the Prevention and Control of Infectious Diseases in 2001, second only to the peak during the influenza pandemic in 2009. The highest national incidence was observed in the 9th reporting week. Nationally there were 96 cases per 100,000 population, over 10 times more than the previous year (9.3 per 100,000 population) which had been characterised by particularly low influenza activity.

Germany is a low-burden country for **tuberculosis**. Case numbers were relatively stable at around 4,400 between 2008 through to 2014. However there has been a marked increase in 2015 with 5,865 tuberculosis cases reported. These figures have been influenced by demographic changes and recent migration patterns.

There was a decline in the incidence of invasive **MRSA** infections for the third consecutive year in 2015. Non-invasive MRSA and MRSA in outpatients are not reported.

2 Meldewesen und Erhebung der Meldedaten

2.1 Gesetzliche Grundlagen

Infektionsschutzgesetz

Das am 01.01.2001 in Kraft getretene Infektionsschutzgesetz (IfSG) regelt, welche Krankheiten und welche Nachweise von Erregern bundesweit meldepflichtig sind. In § 6 IfSG ist festgelegt, welche Krankheiten bei Krankheitsverdacht (außer Tuberkulose), Erkrankung und Tod an der Krankheit meldepflichtig sind. Bei der Auswahl der Krankheiten wurden sowohl die Gefährlichkeit der Krankheit, gemessen an Schwere des Krankheitsverlaufs, Letalität und Ausbreitungsgefahr in der Bevölkerung, als auch das Erfordernis von Maßnahmen seitens der Gesundheitsbehörden berücksichtigt. In § 7 IfSG ist festgelegt, welche Nachweise von Krankheitserregern meldepflichtig sind. Hier wird zwischen den Erregernachweisen, die eine direkte Maßnahme der Gesundheitsämter erfordern können und deshalb namentlich an diese zu melden sind, und den Erregernachweisen unterschieden, bei denen das Gesundheitsamt im Einzelfall nicht unmittelbar tätig werden muss und die deshalb nichtnamentlich direkt an das RKI gemeldet werden. Daneben ist das gehäufte Auftreten von Erkrankungen bzw. Erregernachweisen zu melden.

Weiterhin legt das IfSG fest, welche Personen zur Meldung verpflichtet sind, welche Angaben die Meldungen enthalten müssen und welche dieser Angaben vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde und das RKI übermittelt werden. Seit Einführung des IfSG wurde die Meldepflicht durch Gesetzesänderungen und Verordnungen mehrmals erweitert, um sie an die epidemische Lage anzupassen.

Erweiterung der Meldepflicht

Aviäre-Influenza-Meldepflicht-Verordnung

Seit 21.05.2007 ist die »Verordnung über die Meldepflicht bei aviärer Influenza beim Menschen

(Aviäre-Influenza-Meldepflicht-Verordnung – AIMPV)« in Kraft. Die Pflicht zur namentlichen Meldung gemäß § 6 Abs. 1 Nr. 1 IfSG wurde auf den Krankheitsverdacht, die Erkrankung sowie den Tod eines Menschen an aviärer Influenza ausgedehnt.

Die bereits bestehende Meldepflicht für den direkten Nachweis von Influenzaviren gemäß § 7 Abs. 1 IfSG bleibt davon unberührt. Die auf der Grundlage der beiden Meldepflichten gemeldeten Fälle sind gegebenenfalls vom Gesundheitsamt zusammenzuführen. Das Gesundheitsamt übermittelt gemäß § 12 Abs. 1 IfSG der zuständigen Landesbehörde und diese dem RKI unverzüglich das Auftreten der Krankheit, die getroffenen Maßnahmen und sonstige Informationen, die für die Bewertung der Tatsachen und für die Verhütung und Bekämpfung der übertragbaren Krankheit von Bedeutung sind. Unberührt davon übermittelt das Gesundheitsamt auch gemäß § 11 Abs. 1 IfSG.

Labormeldepflicht-Anpassungsverordnung

Durch die »Verordnung zur Anpassung der Meldepflicht gemäß § 7 IfSG an die epidemische Lage« (Labormeldepflicht-Anpassungsverordnung vom 26.05.2009) wurde die Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 1 IfSG auf den Nachweis von Methicillin-resistentem *Staphylococcus aureus* (MRSA) aus Blut oder Liquor ausgedehnt. Damit haben Labore in Deutschland seit 01.07.2009 die Pflicht, entsprechende Befunde namentlich an das zuständige Gesundheitsamt zu melden. Diese übermitteln Fälle gemäß § 11 Abs. 1 IfSG.

Gesetz zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze

Seit Inkrafttreten des »Gesetzes zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze« am 03.08.2011 wird ein gemäß § 6 Abs. 3 IfSG dem Gesundheitsamt gemeldetes gehäuftes Auftreten nosokomialer Infektionen gemäß § 11 Abs. 2 IfSG an die zuständige Landesbehörde und das RKI übermittelt.

IGV-Durchführungsgesetz

Am 29.03.2013 trat das »Gesetz zur Durchführung der Internationalen Gesundheitsvorschriften

(2005) (IGV-Durchführungsgesetz – IGV-DG)« in Kraft. Neben einer Verkürzung der Übermittlungsfristen auf einen Arbeitstag wurde unter anderem die Meldepflicht auf die Krankheiten Mumps, Keuchhusten, Röteln und Windpocken sowie die Nachweise von deren Erregern, *Bordetella pertussis* und *Bordetella parapertussis*, Mumpsvirus, Rubellavirus und Varicella-Zoster-Virus, erweitert.

IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung

Zum 01.05.2016 ist die Verordnung zur Anpassung der Meldepflichten nach dem Infektionsschutzgesetz an die epidemische Lage (IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung – IfSG-Meld-AnpV) in Kraft getreten. Mit der IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung wurden Meldepflichten für *Clostridium-difficile*-Infektionen mit klinisch schwerem Verlauf und den Nachweis von Enterobacteriaceae und *Acinetobacter* spp. mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit sowie für den Nachweis von Arboviren, z. B. Chikungunyavirus, West-Nil-Virus, Zikavirus, eingeführt. Die Meldepflicht für aviäre Influenza wurde auf zoonotische Influenza ausgedehnt. Die Meldepflicht für den Nachweis von Methicillin-resistenten Stämmen von *Staphylococcus aureus* (MRSA) aus Blut oder Liquor, die im Jahr 2009 mit der Labormeldepflicht-Anpassungsverordnung eingeführt worden war, wurde in die IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung übernommen.

Diese Verordnung ist im Jahr 2016 in Kraft getreten und wird deshalb erst für das Infektionsepidemiologische Jahrbuch 2016 relevant.

Zur Meldung verpflichtete Personen

In § 8 IfSG werden die zur Meldung verpflichteten Personen benannt:

Meldepflichtig für Meldungen von Krankheitsverdacht, Erkrankung und Tod (gemäß §§ 6, 7o IfSG)

- ▶ Feststellende Ärzte
- ▶ Leiter von Einrichtungen der pathologisch-anatomischen Diagnostik

- ▶ Tierärzte (§ 6 Abs. 1 Nr. 4 IfSG; bei Tollwut)
- ▶ Angehörige anderer Heilberufe
- ▶ Leiter von Pflegeeinrichtungen, Justizvollzugsanstalten, Heimen, Lagern o. a.
- ▶ Heilpraktiker
- ▶ Standortärzte der Bundeswehr

Meldepflichtig für Meldungen von Erregernachweisen (gemäß § 7 IfSG)

- ▶ Leiter von Laboratorien oder sonstigen Untersuchungsstellen (einschließlich Untersuchungsstellen der Bundeswehr)
- ▶ Leiter von Medizinaluntersuchungsämtern
- ▶ Leiter von Einrichtungen der pathologisch-anatomischen Diagnostik
- ▶ Tierärzte (§ 7 Abs. 1 Nr. 38 IfSG; Rabiesvirus)
- ▶ Niedergelassene Ärzte, sofern der Erregernachweis im eigenen Labor erfolgt

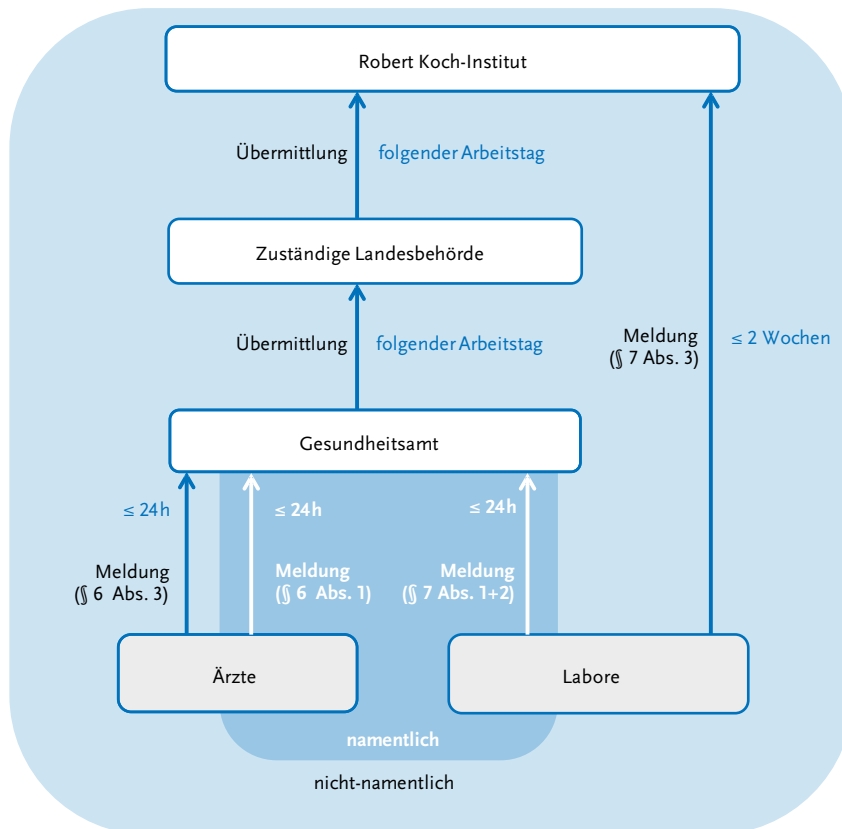
Im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch wird vereinfachend im Folgenden von einer Arztmeldung gesprochen, wenn es sich um eine Meldepflicht gemäß § 6 IfSG handelt. Dementsprechend wird der Begriff Labormeldung für Meldungen gemäß § 7 IfSG verwendet.

Meldeweg

Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt

Zur Meldung verpflichtete Personen melden die in § 6 Abs. 1 Nr. 1 IfSG benannten Krankheiten oder die in § 7 Abs. 1 IfSG festgelegten Nachweise von Krankheitserregern namentlich an das zuständige Gesundheitsamt (s. Abb. 2.1.1). Bei Arztmeldungen erfolgt die Meldung an das für den Aufenthalt des Betroffenen zuständige Gesundheitsamt (s. Kap. 2.2). Bei Meldungen von Laboren ist das Gesundheitsamt des Einsenders des Untersuchungsmaterials zuständig. Dieses Gesundheitsamt benachrichtigt das für den Wohnort der betroffenen Person zuständige Gesundheitsamt. Die Meldung hat unverzüglich, spätestens innerhalb von 24 Stunden zu erfolgen. Das Gesundheitsamt führt eigene Ermittlungen zum Meldefall durch

Abb. 2.1.1:
Melde- und Übermittlungsweg gemäß IfSG



und ordnet entsprechende Infektionsschutzmaßnahmen an.

Erfüllt eine Meldung die vom RKI erstellten Kriterien (s. Kap. 2.2), so wird dieser Fall ohne Angabe personenbezogener Daten jeweils spätestens am folgenden Arbeitstag vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde sowie spätestens am folgenden Arbeitstag von der zuständigen Landesbehörde an das RKI übermittelt. Das RKI wertet die übermittelten Meldedaten infektionsepidemiologisch aus und veröffentlicht diese periodisch.

Nichtnamentliche Meldung an das RKI

Besteht eine Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 3 IfSG, erfolgt die Meldung nichtnamentlich innerhalb von 2 Wochen direkt an das RKI. Der einsendende Arzt hat gemäß § 10 IfSG das meldende Labor bei den Angaben zu unterstützen. Um diesen Vorgang zu vereinfachen, werden nummerierte Durchschlagbögen vom RKI zur Verfügung gestellt. Während das meldende Labor das erste Blatt des Meldebogens an das RKI sendet, soll der einsendende Arzt die fehlenden Informationen, z. B. zur Klinik, zur Infektionsursache und zum Infektionsland, auf dem Durchschlag ergänzen und ebenfalls direkt an das RKI senden.

In Tab. 2.1.1 ist dargestellt, welche Krankheiten und Erregernachweise, die im Infektions-epidemiologischen Jahrbuch dargestellt werden, namentlich durch die Ärzte oder die Labore und

welche nichtnamentlich gemeldet werden. Zusätzlich ist dargestellt, welche der Krankheiten einer Einzelfallkontrolle im Rahmen der Verbesserung der Ergebnisqualität (s. Kap. 3.2) unterliegen.

Tab. 2.1.1:
Meldepflichtige Krankheiten und Erregernachweise gemäß IfSG

	Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt		Nichtnamentliche Meldung an das RKI	Einzelfall- kontrolle am RKI ³
	Arzt- meldung ¹	Labor- meldung ²	Labor- meldung ²	
6.1 Adenovirus-Konjunktivitis		■		■
6.2 Botulismus	■	■		■
6.3 Brucellose		■		■
6.4 <i>Campylobacter</i> -Enteritis		■		
6.5 Cholera	■	■		■
6.6 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)/ vCJK (variante CJK)	■			■
6.7 Denguefieber	■ ⁴	■		■
6.8 Diphtherie	■	■		■
6.9 Echinokokkose			■	■
6.10 EHEC-Erkrankung (außer HUS)		■		
6.11 Fleckfieber		■		■
6.12 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)		■		■
6.13 Giardiasis		■		
6.14 <i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Erkrankung		■		■
6.15 Hantavirus-Erkrankung	■ ⁴	■		■
6.16 Hepatitis A	■	■		
6.17 Hepatitis B	■	■		
6.18 Hepatitis C	■	■		
6.19 Hepatitis D	■	■		■
6.20 Hepatitis E	■	■		
6.21 HIV-Infektion			■	■
6.22 HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch	■	■ ⁵		■
6.23 Influenza	■ ⁶	■		
6.24 Keuchhusten ⁷	■	■		
6.25 Kryptosporidiose		■		
6.26 Läuserückfallfieber		■		■
6.27 Legionellose		■		
6.28 Lepra		■		■
6.29 Leptospirose		■		■
6.30 Listeriose		■		

Tab. 2.1.1:
Fortsetzung

	Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt		Nichtnamentliche Meldung an das RKI	Einzelfall- kontrolle am RKI ³
	Arzt- meldung ¹	Labor- meldung ²	Labor- meldung ²	
6.31 Malaria			■	■
6.32 Masern	■	■		
6.33 Meningokokken, invasive Erkrankung	■	■		
6.34 Milzbrand	■	■		■
6.35 MRSA (Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i>), invasive Infektion		■		
6.36 Mumps ⁷	■	■		
6.37 Norovirus-Gastroenteritis		■		
6.38 Ornithose		■		■
6.39 Paratyphus	■	■		■
6.40 Pest	■	■		■
6.41 Poliomyelitis	■	■		■
6.42 Q-Fieber		■		■
6.43 Rotavirus-Gastroenteritis		■		
6.44 Röteln, konnatale Infektion ⁸ Röteln, postnatale Infektion ⁷	■ ■	■ ■		■
6.45 Salmonellose		■		
6.46 Shigellose		■		
6.47 Syphilis			■	■
6.48 Tollwut	■	■		■
6.49 Toxoplasmose, konnatale Infektion			■	■
6.50 Trichinellose		■		■
6.51 Tuberkulose	■ ⁹	■		
6.52 Tularämie		■		■
6.53 Typhus abdominalis	■	■		■
6.54 Virale hämorrhagische Fieber, sonstige ¹⁰	■	■		■
6.55 Windpocken ⁷	■	■		
6.56 Yersiniose		■		

1 Meldung des Verdachts, der Erkrankung und des Todes gemäß § 6 IfSG (in der Regel durch Ärzte)

2 Labordiagnostischer Nachweis meldepflichtig gemäß § 7 IfSG (in der Regel durch das Labor)

3 Einzelfallkontrolle (s. Kap. 3.2)

4 Nur bei hämorrhagischem Verlauf

5 Betrifft Nachweise meldepflichtiger Erreger

6 Nur bei aviärer Influenza (seit 01.05.2016 bei zoonotischer Influenza)

7 Bundesweite Meldepflicht seit 29.03.2013

8 Seit 29.03.2013 namentliche Meldung an das Gesundheitsamt, davor nichtnamentliche Meldung an das RKI

9 Nur bei behandlungsbedürftiger Tuberkulose. Der Verdacht ist nicht meldepflichtig.

10 Gilt auch für Ebolafeber, Gelbfieber, Lassafeber und Marburgfeber

Nichtnamentliche Meldung an das Gesundheitsamt

Das gehäufte Auftreten nosokomialer Infektionen ist gemäß § 6 Abs. 3 IfSG dem Gesundheitsamt nichtnamentlich als Ausbruch zu melden. Dabei steht im Vordergrund, dass die Gesundheitsbehörde als Berater bei der Ermittlung der Infektionsquelle durch deskriptive und analytische Untersuchungen beteiligt wird. Seit 2011 mit Inkrafttreten des »Gesetzes zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze« werden diese Fälle auch an das RKI übermittelt.

Melde- und Übermittlungsinhalte

In den §§ 9, 10 IfSG ist festgelegt, welche Angaben die namentliche Meldung an das Gesundheitsamt sowie die nichtnamentliche Meldung an das Ge-

sundheitsamt oder das RKI enthalten dürfen. Zusätzlich wird im § 11 IfSG geregelt, welche dieser Angaben vom Gesundheitsamt an das RKI übermittelt werden (s. Tab. 2.1.2 und 2.1.3).

Literaturhinweise

- Höhl N: *Gesetz zur Verhütung und Bekämpfung von Infektionskrankheiten beim Menschen (Infektionsschutzgesetz – IfSG)*. 4. Auflage. Verlag Reckinger, Siegburg; 2013
- Erdle H: *Infektionsschutzgesetz – Kommentar*. 4. Auflage. ecomed Medizin, Landsberg/Lech; 2013
- Bales S, Baumann HG, Schnitzler N: *Infektionsschutzgesetz, Kommentar und Vorschriftensammlung*. 2. Auflage. Verlag W. Kohlhammer, Berlin; 2003
- Gesetz zur Durchführung der Internationalen Gesundheitsvorschriften (2005) (IGV-Durchführungsgesetz IGV-DG)*. 2013. www.gesetze-im-internet.de/igv-dg/index.html
- Gesetz zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze*. Bundesgesetzblatt 2011; Teil I, Nr. 41:1622–1630.

Tab. 2.1.2:

Melde- und Übermittlungsinhalte für namentliche Meldungen an das Gesundheitsamt

	Namentliche Arztmeldung	Namentliche Labormeldung	Übermittlung
Personendaten	<ul style="list-style-type: none"> ▶ Name/Vorname des Patienten ▶ Geschlecht ▶ Geburtsdatum ▶ Anschrift ▶ Bei Tuberkulose Geburtsland und Staatsangehörigkeit 	<ul style="list-style-type: none"> ▶ Name/Vorname des Patienten ▶ Geschlecht ▶ Geburtsdatum ▶ Anschrift 	<ul style="list-style-type: none"> – ▶ Geschlecht ▶ Monat/Jahr der Geburt ▶ Zuständiges Gesundheitsamt ▶ Bei Tuberkulose Geburtsland und Staatsangehörigkeit
Diagnose	<ul style="list-style-type: none"> ▶ (Verdachts-)Diagnose ▶ Tag der Erkrankung oder der Diagnose, ggf. des Todes 	<ul style="list-style-type: none"> ▶ Untersuchungsbefund ▶ Eingangsdatum ▶ Untersuchungsmaterial ▶ Nachweismethode 	<ul style="list-style-type: none"> ▶ Diagnose ▶ Tag der Erkrankung oder der Diagnose, ggf. des Todes
Mögliche Infektionsquelle und Exposition	<ul style="list-style-type: none"> ▶ Wahrscheinliche Infektionsquelle ▶ Infektionsland ▶ Blut-, Organ-, Gewebespende (in den letzten 6 Monaten) 	–	<ul style="list-style-type: none"> ▶ Wahrscheinlicher/-s Infektionsweg/-risiko ▶ Infektionsland ▶ Zugehörigkeit zu Erkrankungshäufung
Kontaktdaten	<ul style="list-style-type: none"> ▶ Kontaktdaten des Meldenden ▶ Kontaktdaten des Labors 	<ul style="list-style-type: none"> ▶ Kontaktdaten des Meldenden ▶ Kontaktdaten des einsehenden Arztes/Krankenhauses 	–
Weitere Angaben	<ul style="list-style-type: none"> ▶ Aufenthalt in Krankenhaus oder anderer Einrichtung der stationären Pflege ▶ Tätigkeit in Einrichtungen im Sinne der §§ 23, 36, 42 IfSG ▶ Betreuung in Gemeinschaftseinrichtung (§ 33 IfSG) 	<ul style="list-style-type: none"> ▶ Vorliegen einer chronischen Hepatitis C 	<ul style="list-style-type: none"> ▶ Krankenhausaufenthalt

Tab. 2.1.3:
Melde- und Übermittlungsinhalte für nichtnamentliche Meldungen von gehäuftem Auftreten nosokomialer Infektionen an das Gesundheitsamt sowie für nichtnamentliche Meldungen direkt an das RKI

Nichtnamentliche Meldung von gehäuftem Auftreten nosokomialer Infektionen an das Gesundheitsamt		Übermittlung von gehäuftem Auftreten nosokomialer Infektionen	Nichtnamentliche Meldung an das RKI
Personendaten		▶ Zahl der Betroffenen	▶ Fallbezogene Verschließung (nur bei HIV) ▶ Geschlecht ▶ Monat/Jahr der Geburt ▶ Erste drei Ziffern der PLZ der Hauptwohnung
Diagnose	▶ Untersuchungsbefund ▶ Monat/Jahr der einzelnen Diagnosen	▶ Untersuchungsbefund ▶ Monat/Jahr der einzelnen Diagnosen	▶ Untersuchungsbefund ▶ Monat/Jahr der Diagnose ▶ Untersuchungsmaterial ▶ Nachweismethode
Mögliche Infektionsquelle und Exposition	▶ Wahrscheinlicher/-s Infektionsweg/-risiko	▶ Wahrscheinlicher/-s Infektionsweg/-risiko	▶ Wahrscheinlicher/-s Infektionsweg/-risiko ▶ Infektionsland
Kontaktdaten	▶ Kontaktdaten des Meldenden ▶ Kontaktdaten der betroffenen Einrichtung	▶ zuständiges Gesundheitsamt	▶ Kontaktdaten des Meldenden
Weitere Angaben			▶ Bei Malaria Angaben zur Expositions-/Chemoprophylaxe

Verordnung über die Meldepflicht bei Aviärer Influenza beim Menschen (Aviäre-Influenza-Meldepflicht-Verordnung – AIMPV). 2007. www.gesetze-im-internet.de/aimpv/index.html

Verordnung zur Anpassung der Meldepflichten nach dem Infektionsschutzgesetz an die epidemische Lage (IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung – IfSGMeldAnpV). 2016. <http://www.gesetze-im-internet.de/bundesrecht/ifsg-meldanpv/gesamt.pdf>

RKI: Einführung der Labormeldepflicht für den Nachweis von MRSA aus Blut und Liquor zum 01. Juli 2009. Epid Bull 2009; 26:254.

2.2 Datengrundlage

Die im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch dargestellten Daten beruhen auf folgenden im IfSG geregelten Vorgängen:

- ▶ Namentliche Meldung von Verdacht auf, Erkrankung an oder Tod durch bestimmte Krankheiten an das Gesundheitsamt sowie de-

ren gehäuftes Auftreten (§ 6 Abs. 1 Nr. 1, 2, 5 IfSG)

- ▶ Nichtnamentliche Meldung des gehäuften Auftretens nosokomialer Infektionen an das Gesundheitsamt (§ 6 Abs. 3 IfSG)
- ▶ Namentliche Meldung von Nachweisen von bestimmten Krankheitserregern sowie deren gehäuftes Auftreten an das Gesundheitsamt (§ 7 Abs. 1 und Abs. 2 IfSG)
- ▶ Nichtnamentliche Meldung von Nachweisen von bestimmten Krankheitserregern an das RKI (§ 7 Abs. 3 IfSG)
- ▶ Benachrichtigung des Gesundheitsamts durch Leiter von Gemeinschaftseinrichtungen (Schulen, Kindergärten usw.) bei Annahme bestimmter infektionsepidemiologisch bedeutsamer Sachverhalte (§ 34 Abs. 6 IfSG)
- ▶ Fallfassung durch Ermittlungen der Gesundheitsbehörden, z. B. bei Ausbrüchen (§ 6 Abs. 1 Nr. 2 b, 5 b, § 7 Abs. 2, § 25 Abs. 1 IfSG)

Die im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch dargestellten Daten beziehen sich auf Daten, die bun-

desweit einheitlich erfasst wurden. Nicht berücksichtigt wurden zum einen Fälle, die einer bundeslandspezifischen erweiterten Meldepflicht unterlagen, und zum anderen Fälle, die in der Kategorie »Weitere bedrohliche Krankheiten« übermittelt wurden, da diese Kategorie nicht krankheitsspezifisch eingeordnet werden konnte und in den einzelnen Gesundheitsämtern und Bundesländern sehr unterschiedlich gehandhabt wird.

Definitionen

Falldefinitionen

Die Falldefinitionen sind vom RKI gemäß § 4 Abs. 2 Nr. 2 a IfSG erstellte Kriterien. Auf deren Grundlage wird am Gesundheitsamt entschieden, welche eingegangenen Meldungen an die zuständigen Landesbehörden und von dort an das RKI übermittelt und welche Fälle gemäß Referenzdefinition vom RKI veröffentlicht werden. Die Falldefinitionen sind nicht dazu bestimmt, die meldepflichtigen Sachverhalte für Ärzte oder Laboratorien zu definieren. Ärzte und Laboratorien sollen die im IfSG aufgeführten Erreger oder Krankheiten melden, unabhängig davon, ob die Falldefinitionen erfüllt sind oder nicht.

Durch die Anwendung der Falldefinitionen wird gewährleistet, dass die Meldedaten zwischen den Landkreisen und kreisfreien Städten oder zwischen Bundesländern vergleichbar sind.

Die Falldefinitionen werden regelmäßig überarbeitet, um sie an neue diagnostische Methoden und Erkenntnisse anzupassen. Eine aktualisierte Version ist am 01.01.2015 in Kraft getreten.

Die Aktualisierung war bei einigen Übermittlungskategorien mit umfangreichen Änderungen verbunden. Um diese Änderungen und deren Auswirkung auf die Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr darzustellen, wurde in den betreffenden Kapiteln unter »Spezielle Krankheiten« eine zusätzliche Tabelle aufgenommen, die die Bewertung der Fälle gemäß Falldefinition 2015 mit der vorher gültigen Falldefinition vergleicht. Bei der Umsetzung ist zu beachten, dass seit 2015 jedem Fall die Falldefiniti-

onsversion zugeordnet wird, in der er erfasst wird. Hierbei werden Fälle, die in alten Software-Versionen erfasst werden, entsprechend der alten Falldefinition zugeordnet und übermittelt. Daher kann es vorkommen, dass innerhalb einer Übermittlungskategorie je nach Falldefinitionsversion Fälle unterschiedlich bewertet werden.

Evidenztypen

Es werden drei Evidenztypen unterschieden:

Klinisches Bild

Hier werden die Kriterien (Symptome, klinische Zeichen und anamnestic Angaben) genannt, die beim betroffenen Patienten vorliegen müssen, um das klinische Bild der jeweiligen Krankheit zu erfüllen.

Labordiagnostischer Nachweis

Hier werden die Materialien und Labormethoden aufgeführt, die für den Erregernachweis verlangt werden, um den labordiagnostischen Teil der Falldefinition zu erfüllen.

Epidemiologische Bestätigung

Eine epidemiologische Bestätigung liegt vor, wenn ein Fall mit erfüllttem klinischen Bild und ohne eigenen labordiagnostischen Erregernachweis entweder

- ▶ mit einem labordiagnostisch nachgewiesenen Fall in einen epidemiologischen Zusammenhang gebracht werden kann oder
- ▶ eine andere relevante Expositionsform zu einer anderen labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionsquelle vorliegt.

Falldefinitionskategorien

Aus der Kombination dieser drei Evidenztypen ergeben sich die folgenden fünf Falldefinitionskategorien, die ihrerseits die Übermittlungspflicht vom Gesundheitsamt über die zuständige Landesbehörde an das RKI begründen:

A. Klinisch diagnostizierte Erkrankung

Hier genügt es für die Übermittlungspflicht, wenn der Fall das festgelegte klinische Bild der Falldefinition erfüllt.

B. Klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankung

Hierfür muss das klinische Bild laut Falldefinition erfüllt sein und zusätzlich eine epidemiologische Bestätigung vorliegen.

C. Klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankung

Diese Kategorie fordert die umfassendste diagnostische Evidenz. Hier müssen sowohl die Kriterien des klinischen Bildes als auch die Kriterien des labordiagnostischen Nachweises der Falldefinition erfüllt sein.

D. Labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei nicht erfülltem klinischen Bild

Hier ist zwar der labordiagnostische Nachweis gemäß Falldefinition erfüllt, aber das klinische Bild – auch wenn bekannt – erfüllt nicht die Kriterien der Falldefinition. Hierunter fallen sowohl unspezifische und untypische Verlaufsformen als auch asymptotische Infektionen.

E. Labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei unbekanntem klinischen Bild

Hier ist der labordiagnostische Nachweis gemäß Falldefinition erfüllt, Angaben zum klinischen Bild sind jedoch nicht zu ermitteln oder wurden nicht erhoben.

In der Darstellung der Daten im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch wird auf diese Einordnung Bezug genommen. Die Möglichkeit, nach den einzelnen Falldefinitions-kategorien zu differenzieren, erlaubt es, die Stärke der diagnostischen Evidenz einzuschätzen und außerdem zwischen Erkrankungen einerseits und Infektionen ohne erfülltes klinisches Bild andererseits zu unterscheiden.

Für Fälle, die nichtnamentlich direkt an das RKI gemeldet werden, existieren keine Falldefinitionen. Die Fallprüfung erfolgt stattdessen am RKI anhand festgelegter Fallkriterien.

Referenzdefinition

Alle Fälle, die eine entsprechende Falldefinitionskategorie erfüllen, werden an das RKI übermittelt. Veröffentlicht werden jedoch nur die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen. Alle Abbildungen und

Tabellen im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch beziehen sich – sofern nicht anders angegeben – auf Fälle, die der Referenzdefinition entsprechen. Auch die Fallzahlen in der wöchentlichen Statistik und im Jahresüberblick des Epidemiologischen Bulletins werden gemäß Referenzdefinition ausgewiesen.

Für die meisten meldepflichtigen Krankheiten und Erregernachweise umfasst die Referenzdefinition die Kategorien B »klinisch-epidemiologisch bestätigt« und C »klinisch-labordiagnostisch bestätigt« (s. Tab. 2.2.1).

Durch dieses Vorgehen soll die Aufmerksamkeit in der vereinfachten Darstellung epidemiologischer Daten auf die klinisch manifesten Erkrankungen gelenkt werden. Entsprechend wird im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für Auswertungen nach Referenzdefinition, in die nur Fälle, die die Kriterien des klinischen Bildes erfüllen, eingehen, der Begriff »Erkrankungen« (oder ein krankheitsspezifisches Äquivalent) benutzt, während sonst umfassender von »Fällen« die Rede ist.

Bei Hepatitis B, C und D sowie bei invasiven MRSA-Infektionen und Poliomyelitis erfüllen alle labordiagnostisch nachgewiesenen Fälle (Kategorien C, D, E) die Referenzdefinition, unabhängig davon, ob bei ihnen das klinische Bild bekannt oder erfüllt ist. Diese Kapitel enthalten eine Übersichtstabelle, die sowohl die Fallzahlen in jeder Falldefinitionskategorie einzeln als auch die Fallzahlen der Referenzdefinition ausweist, um so die Datengrundlage transparent zu halten.

Bei den Übermittlungskategorien, bei denen sich 2015 die Referenzdefinition geändert hat, wurde die Tabelle der übermittelten Fälle nach Kategorie der Falldefinition erweitert. Dort ist dargestellt, wie viele Fälle nach Falldefinition 2015 und wie viele gemäß älterer Falldefinitionsversionen bewertet und übermittelt wurden.

Die Fälle, die gemäß Falldefinition übermittelt wurden, aber die Referenzdefinition nicht erfüllen, stehen – unabhängig davon, dass sie nicht im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch dargestellt werden – für detailliertere epidemiologische Auswertungen zur Verfügung. Z. B. erlaubt die Internet-basierte Software SurvStat@RKI die Abfrage nach jeder gewünschten Kombination der Falldefinitionskategorien.

Die nichtnamentlich direkt an das RKI gemeldeten Krankheiten werden nicht in Falldefinitions-

Tab. 2.2.1:

Zuordnung der meldepflichtigen Krankheiten zur Referenzdefinition gemäß Falldefinitions-kategorien

Meldepflichtige Krankheit	Falldefinitions-kategorie				
	A	B	C	D	E
Adenovirus-Konjunktivitis, Botulismus, Brucellose, <i>Campylobacter</i> -Enteritis, Cholera, Diphtherie, EHEC-Erkrankung, Fleckfieber, Giardiasis, Hantavirus-Erkrankung, Hepatitis A, Hepatitis E, Influenza, Keuchhusten, Kryptosporidiose, Läuserückfallfieber, Legionellose, Leptospirose, Milzbrand, Ornithose, Paratyphus, Q-Fieber, Rotavirus-Gastroenteritis, Röteln (postnatale Infektion), Salmonellose, Shigellose, Tollwut, Trichinellose, Tularämie, Typhus, Yersiniose		■	■		
Denguefieber, FSME, Lepra, Norovirus-Gastroenteritis, Virale hämorrhagische Fieber (sonstige, einschl. Ebolafeber, Gelbfieber, Lassafeber, Marburgfieber)			■		
HUS, Röteln (koninatale Infektion), Masern, Mumps, Tuberkulose, vCJK, Windpocken	■	■	■		
Hepatitis B, Hepatitis C, Hepatitis D, MRSA (invasive Infektion), Poliomyelitis			■	■	■
<i>Haemophilus influenzae</i> (invasive Erkrankung), Listeriose, Pest		■	■	■	■
CJK, Meningokokken (invasive Erkrankung)	■	■	■	■	■

kategorien eingeordnet. Bei diesen Krankheiten werden auch Erregernachweise ohne klinisches Bild ausgewiesen. Das betrifft vor allem HIV-Infektionen und Syphilis. Bei Malaria spielen Erregernachweise ohne klinisches Bild dagegen keine Rolle.

Literaturhinweise

- Diercke M: *Meldepflicht von Infektionskrankheiten: Weniger Aufwand für den Arzt*. Dtsch Ärztebl 2015; 112:A-1170/B-978/C-950.
- Diercke M, Benzler J, Schöneberg I, et al.: *Falldefinitionen für die Surveillance meldepflichtiger Infektionskrankheiten in Deutschland, Ausgabe 2015*. Bundesgesundheitsbl-Gesundheitsforsch-Gesundheitsschutz 2014; 57:1107-1110.

Zuordnung nach Zeit, Ort und Person

Grundlage für die Interpretation epidemiologischer Daten ist die Zuordnung der Fälle nach Zeit und Ort ihres Auftretens sowie nach Alter und Geschlecht der Fälle. Um Fehlinterpretationen zu vermeiden, wird im Folgenden beschrieben, wie

diese Variablen definiert sind und wie sie erhoben werden.

Zuordnung nach Zeit

Meldewoche

Für alle namentlich an das Gesundheitsamt gemeldeten Fälle ist die Meldewoche die Einheit für die zeitliche Zuordnung. Die Meldewoche entspricht der Kalenderwoche nach den Regeln des internationalen Standards ISO 8601 (entspricht DIN 1355). Sie beginnt montags und endet sonntags. Die Meldewochen eines Jahres sind fortlaufend nummeriert, beginnend mit der ersten Woche, die mindestens 4 Tage des betreffenden Jahres enthält. Meldejahre können 52 oder gelegentlich 53 Wochen haben. In das Meldejahr 2015 fallen 53 Wochen, wobei die Meldewoche 1 mit dem 29.12.2014 (einem Montag) beginnt und die Meldewoche 53 mit dem 03.01.2016 (einem Sonntag) endet. Die letzten 3 Tage des Kalenderjahres 2014 und die ersten 3 Tage des Kalenderjahres 2016 werden dem Meldejahr 2015 zugeordnet.

Die Zuordnung zur Meldewoche wird durch den Tag bestimmt, an dem das Gesundheitsamt offiziell Kenntnis von einem Fall erlangt. Normalerweise ist das der Tag, an dem erstmalig eine Meldung oder Verdachtsmeldung zu einem Fall im

Gesundheitsamt eintrifft. Es kann auch vorkommen, dass das Gesundheitsamt nicht durch Meldung, sondern durch eigene Ermittlungen Kenntnis von einem Fall erlangt.

Der Grund für die zeitliche Einordnung der Fälle nach Meldewoche ist die Tatsache, dass das Meldedatum die einzige gemäß dem IfSG übermittlungsfähige Information ist, die ungeachtet der Vollständigkeit einer Meldung immer vorhanden ist und auch bei späteren Korrekturen der Angaben zum Fall nicht verändert wird. Auch bei der Weitergabe eines Falls an ein anderes Gesundheitsamt bleibt die Meldewoche erhalten. Demgegenüber kann es vorkommen, dass Diagnosedatum oder Erkrankungsbeginn nicht gemeldet werden und auch nicht genau ermittelt werden können. Diese Daten können (und sollen) zudem bei Vorliegen neuer Erkenntnisse geändert werden.

Nichtnamentlich an das RKI zu meldende Erregernachweise werden nicht nach Meldewoche zugeordnet, sondern Diagnosemonat und -jahr werden für die zeitliche Zuordnung verwendet. In den seltenen Fällen, in denen die Meldebögen diese Information nicht enthalten, werden ersatzweise Monat und Jahr des Eingangsdatums am RKI verwendet.

Zeitlicher Verlauf

In den krankheitsspezifischen Kapiteln werden sowohl saisonale Schwankungen als auch Trends beschrieben.

Zuordnung nach Ort

Namentlich zu meldende Krankheiten und Erregernachweise werden örtlich dem Landkreis bzw. der kreisfreien Stadt des Hauptwohnsitzes des Patienten zugeordnet, was in der Regel dem Zuständigkeitsbereich des übermittelnden Gesundheitsamtes entspricht (s. Kap. 2.1). Dabei kann es vorkommen, dass die Infektion an einem anderen Ort innerhalb Deutschlands oder im Ausland erworben wurde, wie dies beispielsweise oft bei nosokomialen oder reiseassoziierten Infektionen der Fall ist. Patienten ohne festen Wohnsitz oder ohne Wohnung in Deutschland werden dem für ihren Aufenthaltsort zuständigen Gesundheitsamt zugeordnet. Im Regelfall ist hierbei der Aufenthaltsort zum Zeitpunkt der Meldung maßgeblich.

Über die Kreiszugehörigkeit des Patienten wird das Bundesland zugeordnet. In sehr seltenen Fällen ist die Zuordnung zu einem Landkreis bzw. einer kreisfreien Stadt und damit zu einem Bundesland nicht möglich. Diese Fälle sind in Auswertungen nach Landkreis bzw. kreisfreier Stadt oder Bundesland (z. B. Inzidenzberechnungen) nicht berücksichtigt.

Nichtnamentlich direkt an das RKI zu meldende Erregernachweise können nicht eindeutig einem Landkreis bzw. einer kreisfreien Stadt oder einem Bundesland zugeordnet werden. Die örtliche Zuordnung erfolgt indirekt durch die ersten drei Ziffern der fünfstelligen Postleitzahl (PLZ) des Patientenwohnorts. Fehlt diese Information auf dem Meldebogen, so wird die PLZ des einsendenden Arztes benutzt. Fehlt auch diese, so erfolgt die Zuordnung nach der PLZ des meldenden Labors. Dadurch kann die geografische Darstellung der epidemiologischen Daten verzerrt sein. Da Laboruntersuchungen zunehmend in Großlaboratorien durchgeführt werden, die mitunter weit vom Aufenthaltsort des Patienten entfernt liegen, kann dies zu einer Überrepräsentation einzelner Bundesländer führen. Tab. 2.2.2 zeigt, aufgeschlüsselt nach der dem Erregernachweis zugrundeliegenden Infektion, zu welchen Anteilen die unterschiedlichen PLZ für die örtliche Zuordnung herangezogen wurden. Je nach Krankheit gibt es große Unterschiede. Während bei Syphilis bei 93 % der Fälle und bei Echinokokkose bei 92 % der Fälle Angaben zur PLZ des Patienten vorhanden waren, stand diese Information nur für 64 % der gemeldeten konnatalen Toxoplasmose-Infektionen und 74 % der gemeldeten HIV-Infektionen zur Verfügung. Die Zuordnung nach der PLZ des meldenden Labors erfolgte im Jahr 2015 nur für sehr wenige der gemeldeten Fälle.

Die PLZ erlaubt nicht immer eine eindeutige Zuordnung zum Bundesland, da einzelne Postleitzahlbereiche Bundeslandsgrenzen überschreiten. In diesen Fällen wurden die Postleitzahlbereiche auf der Basis der Bevölkerungsverteilung jeweils einem Bundesland zugeordnet. Aufgrund der beschriebenen Hindernisse werden die nichtnamentlichen Meldungen in der Regel lediglich zum Bundesland, nicht jedoch zum Landkreis bzw. kreisfreier Stadt zugeordnet.

Tab. 2.2.2:

Informationsquellen für die örtliche Zuordnung nichtnamentlich an das RKI gemeldeter Erregernachweise, Deutschland, 2015

Krankheit	Anzahl berücksichtigter Fälle	Nach PLZ des Patienten-Wohnortes	Nach PLZ des ein-sendenden Arztes	Nach PLZ des meldenden Labors
Syphilis	6.834	93 %	6 %	0 %
HIV-Infektion	3.674	74 %	22 %	4 %
Echinokokkose	145	92 %	5 %	3 %
Malaria	1.066	87 %	11 %	3 %
Toxoplasmose, konnatale Infektion	14	64 %	14 %	21 %

Infektionsort

Sofern dies für die Epidemiologie der Krankheit von Bedeutung ist, werden auch Angaben zum Infektionsland dargestellt. Dabei ist zu beachten, dass es sich hier nicht um das Land handelt, in dem die Infektion nachweisbar erworben wurde, sondern in der Regel um die Länder, in denen sich die betroffene Person während der Inkubationszeit aufgehalten hatte. Da für einen Fall mehrere Infektionsländer in Frage kommen können, sind Mehrfachangaben möglich. Deshalb kann die Summe der genannten Infektionsländer (»Nennungen«) größer als die Summe der Fälle sein. Bei der Angabe verschiedener Landkreise bzw. kreisfreier Städte in Deutschland als möglichen Infektionsort wird dies bei der Auswertung nach Ländern als eine einzelne Nennung von Deutschland gewertet. Die Länder werden geografisch den Kontinenten zugeordnet. Die Anzahl der Ländernennungen ist aufgrund von Mehrfachnennungen mehrerer Länder eines Kontinents meist ungleich dem Nenner bei Auswertungen nach Kontinent.

Bei der tabellarischen Darstellung der Länder werden in der Regel die 10 Länder mit den meisten Nennungen gewählt. Wenn rund um das zehnte Land hinaus mehrere Länder die gleiche Anzahl von Nennungen vorwiesen, wird die Grenze so gezogen, dass entweder alle oder keines dieser Länder in der Tabelle aufgeführt werden. Dabei sollte die Anzahl der dargestellten Länder nächstmöglich an 10 liegen.

Zuordnung nach Person

Alter

Für alle meldepflichtigen Sachverhalte werden nur der Geburtsmonat und das Geburtsjahr der Fälle an das RKI gemeldet bzw. übermittelt. Per Zufallsverfahren wird ein Geburtstag erzeugt, der für Altersberechnungen benutzt wird. Altersangaben beziehen sich auf das errechnete Alter zum Zeitpunkt der Meldung, bei nichtnamentlichen Meldungen auf das errechnete Alter zum Zeitpunkt der Diagnose. Bei Meldungen bzw. Übermittlungen, die keine Angabe zum Geburtsmonat und -jahr enthalten, kann kein Alter errechnet werden. Diese Fälle werden in der Darstellung nach Altersgruppe nicht berücksichtigt.

Im entsprechenden Abschnitt der krankheits-spezifischen Kapitel wird dargestellt, wie stark die jeweiligen Altersgruppen von der Krankheit betroffen sind. Je nach Krankheit werden unterschiedliche Altersgruppen dargestellt. Auf eine Abbildung wird in der Regel verzichtet, wenn die Gesamtfallzahl unter 100 liegt.

Geschlecht

Das Geschlecht der Erkrankten ist eine melde- und übermittlungspflichtige Angabe (s. Kap. 2.1). Fälle ohne Angabe zum Geschlecht können in der Darstellung nach Geschlecht nicht berücksichtigt werden.

Inzidenzen

Neben absoluten Fallzahlen werden Inzidenzen zur Beschreibung der Häufigkeit einer Krankheit in ihrer geografischen und demografischen Verteilung eingesetzt. Anstelle von »Inzidenzrate« wird im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch der Begriff »Inzidenz« verkürzend verwendet.

Als Inzidenz wird dabei die Anzahl der übermittelten Fälle pro Jahr bezogen auf 100.000 Personen der jeweils zugrundeliegenden Bevölkerung berechnet. Im Meldesystem können in der Regel nur die Fälle von Infektionskrankheiten erfasst werden, die im medizinischen Versorgungssystem z. B. von niedergelassenen Ärzten, Ärzten in Krankenhäusern oder Laboratorien erkannt und gemeldet wurden. Wenn infizierte Personen z. B. wegen asymptomatischer oder milder Verläufe keine ärztliche Praxis aufsuchen und somit keine Diagnostik in einem Labor veranlasst wird oder nach Diagnose keine Meldung erfolgt, werden diese Fälle in der Regel nicht im Meldesystem erfasst. Die Untererfassung kann je nach Meldeweg oder Krankheit unterschiedlich stark ausgeprägt sein. Die dargestellten Inzidenzen entsprechen demnach nicht allen Neuerkrankungen in der Bevölkerung in einem bestimmten Zeitraum, sondern sind als Meldeinzidenz zu interpretieren.

Gegebenenfalls werden Inzidenzen auch aufgliedert nach Alter, Geschlecht und Bundesland oder Kreis dargestellt. Durch den Bezug auf die Anzahl der Einwohner in der jeweiligen Alters- und Geschlechtsgruppe wird auch bei alters- und geschlechtsspezifischen Vergleichen die demografische Verteilung berücksichtigt.

Zudem kann die Inzidenz von Bevölkerungsbewegungen beeinflusst werden. Erfolgt ein Zuzug von Personengruppen, in denen bestimmte Krankheiten, z. B. Tuberkulose oder Hepatitis B oder C, gehäuft vorkommen, führt dies zu einem Anstieg der Inzidenzen. Ebenso ist unklar, inwieweit die hohe Anzahl von Asylsuchenden im Jahr 2015 in Deutschland die Bevölkerungsstatistik beeinflusst.

Als Grundlage der Inzidenzberechnungen für das Meldejahr 2015 wird die Bevölkerungsstatistik für den 31.12.2013 verwendet, da sie zum Zeitpunkt der Erstellung des Infektionsepidemiologischen Jahrbuchs die aktuellste verfügbare hinreichend differenzierte Statistik war.

Da die Inzidenzen der Vorjahre auf Grundlage der jeweiligen Jahresendstatistiken berechnet werden, führen neue Bevölkerungszahlen zum Teil zu Veränderungen bei den Inzidenzen der Vorjahre. Unterschiede im Vergleich zu den Vorjahren lassen sich daher nicht nur durch veränderte Fallzahlen erklären, sondern eventuell auch durch Veränderungen in den zu Grunde liegenden Bevölkerungszahlen. In den Abbildungen zum zeitlichen Verlauf in den krankheitsspezifischen Kapiteln des Infektionsepidemiologischen Jahrbuchs werden Fallzahlen statt Inzidenzen verwendet.

Anders als bei bundesweiten, nicht altersspezifischen Darstellungen werden bei Darstellungen nach Bundesland Inzidenzen statt Fallzahlen verwendet. Dadurch wird nicht nur die Vergleichbarkeit zwischen den Bundesländern mit ihren unterschiedlich großen Bevölkerungszahlen gewährleistet, sondern auch dem Umstand Rechnung getragen, dass sich die Bevölkerungszahlen der einzelnen Bundesländer im Berichtszeitraum unterschiedlich entwickelten.

Datenstand

Für die Darstellung der Daten eines Berichtsjahres im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch wird der Datenstand 01.03. des Folgejahres verwendet. Dieser Datenstand gilt dann für jahresübergreifende Abbildungen und Tabellen sowie für Angaben im Text, die weiter zurückliegende Jahre betreffen. Wenn z. B. im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für 2015 Fallzahlen für das Jahr 2014 als Vergleich herangezogen werden, wird der Datenstand 01.03.2016 angewendet. Durch Ermittlungen der Gesundheitsämter bzw. im Ergebnis der Einzelfallkontrolle am RKI werden Datensätze durch die Gesundheitsämter teilweise ergänzt oder verändert; gegebenenfalls wird ein Fall nach gründlicher Recherche auch wieder gestrichen. In Ausnahmefällen kann es auch nach mehreren Jahren noch zu Korrekturen kommen. Dadurch können die Fallzahlen für das Jahr 2014 geringfügig von der Angabe im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für 2014 – mit Datenstand 01.03.2015 – abweichen. Änderungen von Datensätzen ist keine zeitliche Grenze gesetzt, der Zeitpunkt jeder Änderung und der Gültigkeitszeitraum jeder Version eines Falls

werden jedoch dokumentiert. Insofern ist jede Darstellung der Daten eine Momentaufnahme, die vom jeweiligen Datenstand abhängig ist.

2.3 Veröffentlichung der Meldedaten

Das RKI veröffentlicht die von den Gesundheitsämtern über die zuständigen Landesbehörden übermittelten Daten mit einem Zeitverzug von

3 Wochen im Epidemiologischen Bulletin und aktualisiert gleichzeitig die Datengrundlage des im Internet verfügbaren SurvStat@RKI.

Die Veröffentlichung der nichtnamentlichen Meldungen erfolgt – durchschnittlich um zwei Monate gegenüber dem Diagnosedatum verzögert – in der jeweils ersten Ausgabe des Epidemiologischen Bulletins eines Monats.

3 Datenqualität

3.1 EDV-technische Unterstützung

Die namentlichen Meldungen an das Gesundheitsamt, die über verschiedene Kommunikationswege (z. B. Telefon, Fax, E-Mail) im Gesundheitsamt eintreffen und bearbeitet werden, werden vor der Übermittlung an die zuständige Landesbehörde und das RKI elektronisch erfasst. Die Übermittlung erfolgt elektronisch.

Das RKI stellt für die Gesundheitsämter und zuständigen Landesbehörden kostenlos die gemäß den gesetzlichen Vorgaben und Erfordernissen des Meldewesens entwickelte Software SurvNet@RKI zur Verfügung, die zur Erfassung, Auswertung und Übermittlung der Meldedaten gemäß IfSG dient. Von den 378 datenliefernden Gesundheitsämtern in Deutschland nutzen 133 (35 %) SurvNet@RKI (Tab. 3.1.1). Die anderen Gesundheitsämter verwenden eines von mehreren kommerziellen Produkten, die ein nach Vorgaben des RKI strukturiertes Meldemodul als Komponente einer umfassenderen Softwarelösung für das ganze Aufgabenspektrum der Gesundheitsämter anbieten. Die Daten, die mit der jeweiligen Software

erfasst wurden, werden bei der Übermittlung anonymisiert vom Gesundheitsamt zur zuständigen Landesbehörde in definierte Schnittstellenformate exportiert und dann in SurvNet@RKI eingelesen. Alle zuständigen Landesbehörden benutzen SurvNet@RKI für den Empfang und die Weiterleitung von übermittelten Meldedaten.

SurvNet@RKI wurde mit der Einführung des IfSG erstmals im Jahr 2001 implementiert. Aufgrund von Änderungen im Meldesystem, aber auch aufgrund des technischen Fortschritts wird die Software kontinuierlich weiterentwickelt und an die Bedürfnisse der Nutzer angepasst. Im Jahr 2011 wurden mit der Umstellung von SurvNet@RKI Version 2 auf Version 3 umfassende Änderungen implementiert.

Die aktuellen Versionen des Programms sowie die Änderungshistorie sind auf den Internetseiten des RKI abrufbar.

Im Jahr 2011 wurden die zuständigen Landesbehörden auf SurvNet@RKI Version 3 umgestellt. Bis März 2016 wurden erst in 347 (92 %) Gesundheitsämtern SurvNet@RKI-Version-3-kompatible Softwareprodukte eingeführt (s. Tab. 3.1.1), d. h. 31 Gesundheitsämter nutzen ein veraltetes Produkt.

Tab. 3.1.1:
Verteilung der Softwareprodukte zur Erfassung der Meldedaten in den 378 datenliefernden Gesundheitsämtern,
Stand: 01.03.2016

Software	Datenliefernde Gesundheitsämter		Davon Gesundheitsämter mit SurvNet@RKI Version 3 kompatibler Software		Davon Gesundheitsämter mit Fällen gemäß Falldefinition 2015	
	Anzahl	Anteil an Gesamt	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
SurvNet@RKI	133	35 %	133	100 %	129	97 %
Gumax	19	5 %	18	95 %	16	84 %
ISGA	55	15 %	55	100 %	54	98 %
MikroPro	28	7 %	28	100 %	0	0 %
Octoware	108	29 %	79	73 %	72	67 %
Unisoft	35	9 %	34	97 %	34	97 %
Gesamt	378	100 %	347	92 %	305	81 %

Durch den Einsatz der unterschiedlichen Softwareprodukte kann es aufgrund einer fehlerhaften Umsetzung der Vorgaben des RKI zu Kompatibilitätsproblemen und damit zur Beeinträchtigung der Datenqualität kommen. Dies kann zum Datenverlust, zur Dopplung von Fällen und zu falsch übermittelten Inhalten führen.

Am 01.01.2015 sind die aktualisierten Falldefinitionen in Kraft getreten, deren veränderte Spezifikationen auch in der Übermittlungssoftware implementiert werden mussten. Diese Umstellung wurde nur verzögert in den Gesundheitsämtern umgesetzt. Auch in der 53. Meldewoche 2015 wurden nur 68 % der Meldefälle gemäß Falldefinition 2015 übermittelt, immer noch 12 % der Fälle wurden in der seit 2011 veralteten SurvNet@RKI Version 2 übermittelt (s. Abb. 3.1.1).

Literaturhinweis

RKI: *SurvNet@RKI – Das Meldesystem zum IfSG – Anwenderhandbuch*. www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/Software/software_node.html

3.2 Qualitätsmanagement

Die Qualitätssicherung der übermittelten und gemeldeten Daten am RKI stützt sich im Wesentlichen auf zwei Ansätze: die Verbesserung der Prozessqualität und die Verbesserung der Ergebnisqualität.

Verbesserung der Prozessqualität

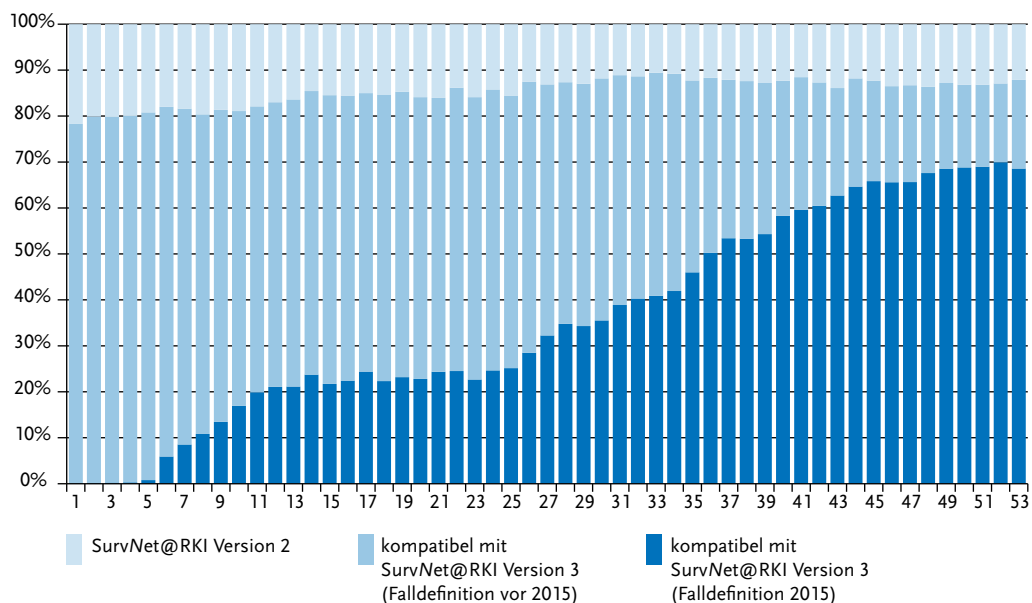
Die Verbesserung der Prozessqualität bezieht sich auf alle Krankheiten, ungeachtet ihrer Häufigkeit. Hierzu werden zunächst häufige oder systematische Fehler identifiziert. Dies geschieht unter Auswertung folgender Quellen:

- Regelmäßige Betrachtung der epidemiologischen Daten nach Krankheit, Ort und Zeit sowie seltener Ereignisse, wie Tod oder Hinweise auf Impfersagen

Abb. 3.1.1:

Implementierung der neuen Falldefinitionen in der Übermittlungssoftware:

Anteil der übermittelten Meldefälle nach Übermittlungsstandard und Meldewoche, Deutschland 2015 (n=353.692)



- ▶ Regelmäßige Besprechungen mit Vertretern der zuständigen Landesbehörden und der Obersten Landesgesundheitsbehörden
- ▶ Einzelfallkontrolle bei seltenen Fällen im Rahmen der Verbesserung der Ergebnisqualität (s. Kap. 2.1 und unten)

Auf Grundlage dieser Erkenntnisse wird die Datenstruktur kontinuierlich verbessert und die Hilfefunktion von SurvNet@RKI weiter ausgebaut. Darüber hinaus werden Prüfalgorithmen in die Software integriert, die Plausibilitätskontrollen automatisch durchführen, sodass Gesundheitsämter, die SurvNet@RKI verwenden, bereits bei der Dateneingabe auf solche Fehler hingewiesen werden.

Zu den so identifizierten Quellen für Datenfehler werden den Gesundheitsämtern – aber auch den Meldepflichtigen – Informationen, Erläuterungen und Hilfsmittel zur Verfügung gestellt, um derartige Fehler zu vermeiden. Beispiele für entsprechende Angebote des RKI an die Gesundheitsämter sind:

- ▶ Informationsbriefe, in denen Hinweise zur Verarbeitung der Meldedaten gegeben werden
- ▶ SurvNet@RKI-Handbuch
- ▶ Erläuterungen im Rahmen der Einzelfallkontrolle
- ▶ Teilnahme von RKI-Mitarbeitern an Dienstbesprechungen und Schulungen, die meist von den zuständigen Landesbehörden veranstaltet werden
- ▶ Erläuternde Beiträge im Epidemiologischen Bulletin
- ▶ Antworten auf häufig gestellte Fragen im Epidemiologischen Bulletin und auf den Internetseiten des RKI
- ▶ Ausführliche Informationen auf den Internetseiten des RKI

Das RKI unterstützt und betreut die meldepflichtigen Ärzte und Laboratorien bezüglich ihrer Meldepflicht unter anderem durch folgende Angebote:

- ▶ Vorlagen für Meldebögen
- ▶ Kostenfreie Software zur Identifizierung der Anschrift des zuständigen Gesundheitsamtes (PLZ-Tool)

Verbesserung der Ergebnisqualität

Bei vielen meldepflichtigen Krankheiten wird nicht nur die Prozessqualität, sondern zusätzlich auch die Ergebnisqualität durch eine Einzelfallkontrolle direkt überprüft (s. Tab. 2.1.1). Es handelt sich hierbei um seltene Krankheiten, die insgesamt etwa 1 bis 2 % aller übermittelten Fälle ausmachen. Zum einen haben einzelne Gesundheitsämter aufgrund des seltenen Auftretens dieser Krankheiten kaum die Möglichkeit, Routine in der Bearbeitung dieser Meldungen zu entwickeln. Zum anderen sind es oft die seltenen Krankheiten, die eine besondere Aufmerksamkeit der Fach- und Allgemeinöffentlichkeit genießen, sodass bereits der Einzelfall besonderen Qualitätsansprüchen genügen muss.

Aus diesen Gründen wird am RKI jede Meldung, die eine seltene Krankheit betrifft, durch wissenschaftliche Mitarbeiter überprüft und erst dann zur Veröffentlichung freigegeben, wenn die übermittelten Informationen plausibel und mit der Falldefinition vereinbar sind. Ist dies nicht der Fall, wendet sich das RKI in der Regel an die zuständige Landesbehörde des jeweiligen Bundeslandes und weist auf die inhaltlichen Widersprüche im übermittelten Datensatz hin.

Am RKI selbst werden keine Änderungen an Datensätzen, die von den Gesundheitsämtern über die zuständigen Landesbehörden übermittelt wurden, vorgenommen. Korrekturen erfolgen auf der Ebene der Gesundheitsämter, bevor sie auf der Landesebene oder am RKI wirksam werden. Dieses Verfahren stellt sicher, dass der Datenstand zu einem Fall auf jeder Ebene (Kreis, Bundesland und RKI) stets identisch ist, sofern dies übermittlungspflichtige Dateninhalte betrifft.

Literaturhinweise

RKI: *Software – SurvNet@RKI. Postleitzahl-Tool des Robert Koch-Institutes.* www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/Software/software_node.html

RKI: *Epidemiologisches Bulletin (erscheint wöchentlich).* www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/epid_bull_node.html

3.3 Vollzähligkeit der Erfassung

Eine häufige Frage bezüglich der Qualität der epidemiologischen Überwachung ist die der Vollzähligkeit, d. h. die Frage, ob tatsächlich alle Fälle erfasst werden. Hierbei ist zu beachten, auf welche Sachverhalte sich die Erfassung beziehen soll.

Erfassung durch das medizinische und diagnostische Versorgungssystem

Das deutsche Meldewesen (s. Kap. 2) erfasst nur diejenigen Erkrankungen oder Infektionen, die im medizinischen Versorgungssystem, also in der Regel von niedergelassenen Ärzten, Ärzten in Krankenhäusern oder Laboren erkannt werden. Asymptomatische Infektionen werden in der Regel nur im Rahmen von Routineuntersuchungen (z. B. bei betriebsärztlichen Untersuchungen) oder Umgebungsuntersuchungen bei Ausbrüchen labordiagnostisch erfasst.

Der Anteil der Erkrankten, der tatsächlich eine ärztliche Praxis oder eine diagnostische Einrichtung aufsucht, hängt unter anderem von folgenden Faktoren ab:

- ▶ Objektiv oder subjektiv schwere Erkrankungen führen eher zum Arztbesuch als leichte Erkrankungen.
- ▶ Berufstätigkeit, Alter, Geschlecht und Sozialstatus wirken sich unterschiedlich stark auf die Wahrscheinlichkeit aus, eine ärztliche Praxis aufzusuchen.
- ▶ Die Bereitschaft, sich in ärztliche Behandlung zu begeben, unterliegt unter Umständen saisonalen Schwankungen und regionalen Einflüssen.

Der Anteil der Erkrankten, der eine Diagnostik erhält, wird unter anderem durch folgende Faktoren beeinflusst:

- ▶ Die Schwere der Erkrankung und eventuell auch das Alter der Erkrankten wirken sich auf die Wahrscheinlichkeit aus, mit der eine labordiagnostische Untersuchung veranlasst wird.
- ▶ Labordiagnostische Untersuchungen werden eventuell deshalb nicht angeordnet, weil Be-

fürchtungen bestehen, dass diese das Budget der Praxis belasten. Diese Befürchtung ist jedoch unbegründet, da alle diagnostischen Laboruntersuchungen im Zusammenhang mit Infektionen, die gemäß §§ 6, 7 IfSG meldepflichtig sind, nicht in das Laborbudget der Niedergelassenen fallen. Dies gilt auch, wenn es sich lediglich um einen Verdacht handelt. Dieser Tatsache wurde im Einheitlichen Bewertungsmaßstab (EBM) durch die Aufnahme der Kennziffer 32006 Rechnung getragen.

- ▶ In Krankenhäusern besteht im Zuge der Einführung von Fallpauschalen eine ähnliche Problematik.

Mit Ausnahme gesundheitspolitischer Reformen, deren Kostenimplikationen Erkrankte vom Aufsuchen medizinischer Einrichtungen oder Krankenhäuser von Laboruntersuchungen abhalten könnten, bleiben die genannten Faktoren vermutlich weitgehend konstant und stören die Interpretation des Trends epidemiologischer Daten nur in einem geringen Maße. Andere Ereignisse könnten hingegen einen kurzfristigen Einfluss auf die Häufigkeit von diagnostischen Maßnahmen und somit die Wahrscheinlichkeit von Erregernachweisen sowie die Wahrscheinlichkeit einer Meldung haben. Zum Beispiel könnte ein öffentlichkeitswirksamer Ausbruch von Salmonellosen dazu führen, dass mehr Erkrankte als sonst wegen gastrointestinaler Symptome eine ärztliche Praxis aufsuchen. Es würde aufgrund der vorhandenen Kenntnisse über den Ausbruch eher eine Laboruntersuchung veranlasst werden, und das Labor würde im Anschluss an einen positiven Salmonellen-Befund eine Labormeldung abgeben. Die Erfassungswahrscheinlichkeit von Salmonellosen durch das Gesundheitssystem wäre somit vorübergehend erhöht. Ebenso könnten die Einführung neuer oder die Veränderung alter diagnostischer Testverfahren einen Einfluss auf das Testverhalten haben.

Meldung medizinisch erfasster Erkrankungen und Erregernachweise

Die gesetzliche Meldepflicht gemäß §§ 6, 7 IfSG soll sicherstellen, dass alle in die Meldepflicht aufgenommenen Tatbestände gemeldet werden, sofern sie den Meldepflichtigen – also in der Regel

den Ärzten und Laboren – bekannt werden. Dieser Meldepflicht wird jedoch nicht immer Folge geleistet, so dass ein Teil der ärztlich oder labordiagnostisch erfassten gemeldeten Erkrankungen oder Erregernachweise nicht Eingang in das Meldesystem findet. Folgende Faktoren beeinflussen unter anderem die Vollständigkeit der Meldungen:

- ▶ Ärzte oder Labore sind sich ihrer Meldepflicht für einzelne Krankheiten nicht bewusst.
- ▶ Meldepflichtige Einrichtungen, in denen selten meldepflichtige Krankheiten diagnostiziert werden, sind organisatorisch nicht darauf eingestellt, die Meldungen zuverlässig und mit wenig Aufwand abzusetzen.
- ▶ Meldepflichtige Personen oder Einrichtungen verweigern die Befolgung der Meldepflicht, oftmals mit dem Hinweis auf den Arbeitsaufwand und wegen fehlender Einsicht in den Nutzen des Verfahrens.

Die oben genannten Aspekte und vor allem die Befolgung der Meldepflicht durch die Ärzte und Labore wirken sich hauptsächlich auf die Sensitivität des Erfassungssystems aus. Diese ist ein Maß für den Anteil der gemeldeten Fälle an allen vorhandenen Fällen.

Übermittlung gemeldeter Fälle vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde

Meldepflichtige Krankheiten oder Erregernachweise, die dem Gesundheitsamt gemeldet wurden, sollten immer dann übermittelt werden, wenn sie die jeweilige Falldefinition erfüllen. Die Falldefinitionen haben zum Ziel, bundesweit einheitliche Kriterien im Rahmen der epidemiologischen Überwachung von Infektionskrankheiten sicherzustellen. Für jede meldepflichtige Infektionskrankheit und jeden meldepflichtigen Erregernachweis wird durch die Falldefinitionen ein Kriterienkatalog zur Verfügung gestellt, auf dessen Grundlage das Gesundheitsamt die Entscheidung fällt, einen Fall zu übermitteln. An dieser Stelle wird deutlich, dass die Gesundheitsämter eine verantwortungsvolle und arbeitsintensive Filterfunktion innerhalb des gesamten Meldesystems haben. Der positive Vorhersagewert – ein Qualitätskrite-

rium, das beschreibt, mit welcher Sicherheit ein erfasster Fall tatsächlich den zu erfassenden Sachverhalt darstellt – wird durch die Arbeit des Gesundheitsamtes entscheidend beeinflusst.

Die zuständigen Landesbehörden unterstützen das beschriebene Qualitätsmanagementsystem des RKI (s. Kap. 3.2) durch entsprechende Betreuung der Gesundheitsämter, um fälschlich übermittelte Fälle zu vermeiden und so den positiven Vorhersagewert zu optimieren.

Auch bei der Übermittlung von Fällen kann es unter anderem aus folgenden Gründen dazu kommen, dass nicht alle übermittlungspflichtigen Fälle tatsächlich an die zuständige Landesbehörde übermittelt werden:

- ▶ Mängel in der vom Gesundheitsamt benutzten Software oder deren Fehlbedienung können zum Verlust von Daten oder fehlerhaften Übermittlungen führen.
- ▶ Ungenügende personelle Ausstattung in den Gesundheitsämtern kann zur Folge haben, dass gemeldete Fälle und Ausbrüche nicht ausreichend ermittelt werden und somit Fälle unentdeckt bleiben oder bekannte Fälle nicht übermittelt werden.

Übermittlung von Fällen von der zuständigen Landesbehörde an das RKI

Fälle, die sich auf Landesebene in der Datenbank befinden, müssen an das RKI übermittelt werden, damit sie bundesweit zusammengefasst und ausgewertet werden können. Der Übermittlungsprozess ist weitgehend automatisiert, sodass davon auszugehen ist, dass der Anteil der in diesem Vorgang verlorengegangenen Daten vernachlässigbar ist.

3.4 Vollständigkeit der Datensätze

Die Datenqualität ist in einem System mit Einzelfallmeldungen auch deshalb von besonderer Bedeutung, weil alle Meldungen eine Fülle zusätzlicher Informationen enthalten, die wertvolle Auswertungen ermöglichen.

Viele Informationen werden in standardisierter Form erfasst. Dabei werden einige Informationen für alle Einzelfälle erhoben, wie z. B. Alter, Geschlecht, Hospitalisierung, Tod und Zugehörigkeit der einzelnen Fälle zu Ausbrüchen. Andere Informationen, wie Symptome, Impfstatus, Labormaterial und -methode, werden entsprechend den Erregerereigenschaften und Falldefinitions-kategorien nur für einen Teil der Fälle angegeben.

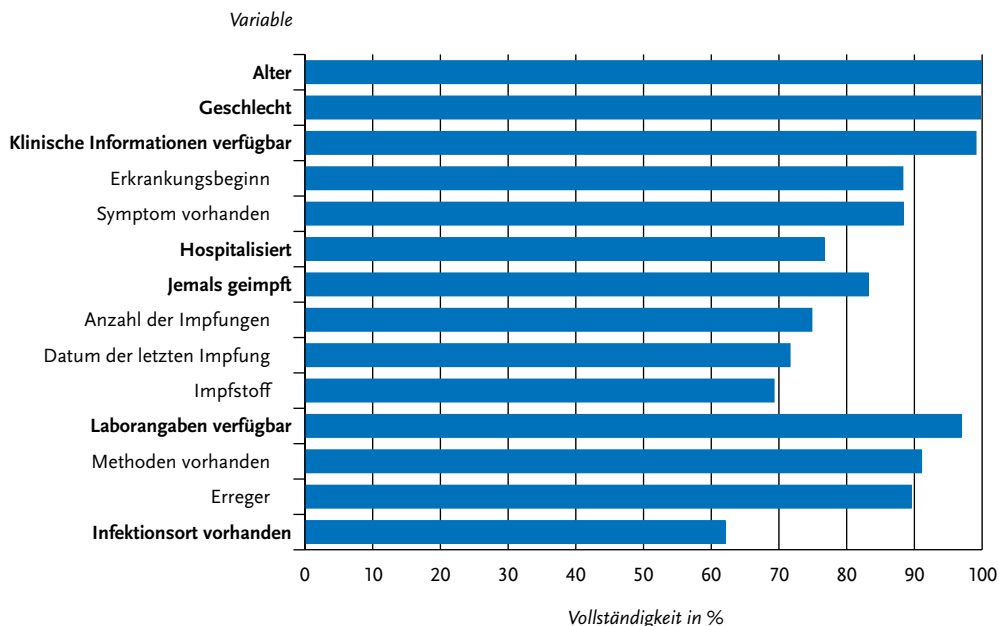
Die Vollständigkeit der Datensätze hängt auch davon ab, wie vollständig die Angaben auf den Meldebögen durch die Ärzte und Labore sind und inwieweit die notwendigen Informationen den Gesundheitsämtern bei der Ermittlung zur Verfügung gestellt werden. So sind die Angaben zu Alter und Geschlecht bei nahezu 100 % der Fälle vorhanden. Auch die Angaben, die zur Erfüllung der Falldefinition erforderlich sind, wie die Verfügbarkeit von klinischen Informationen und Laborangaben haben eine Vollständigkeit von über 90 %. Angaben, die teilweise von den Mitarbeitern in den Gesundheitsämtern ermittelt werden müssen, z. B.

zur Bewertung des Impfstatus oder Angaben zum Infektionsort, liegen dagegen nur in 83 % bzw. 62 % der Fälle vor (s. Abb. 3.4.1).

3.5 Zeitnähe

Wie zeitnah die Meldedaten zur Verfügung stehen, hat entscheidenden Einfluss auf ihren Nutzen, da sich gerade die epidemiologische Situation von Infektionskrankheiten kurzfristig ändern kann und frühzeitige Interventionen notwendig werden können. Nicht nur die Gesundheitsämter, sondern auch die zuständigen Landesbehörden und das RKI sind auf frühzeitige Informationen zur epidemiologischen Lage angewiesen, denn vielfach haben Krankheitsausbrüche ihre Auswirkungen über die Grenzen von Bundesländern und Staaten hinaus. Zum Teil können Ausbrüche erst durch die bundesweite Zusammenführung von Melde-

Abb. 3.4.1: Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu ausgewählten Variablen, Deutschland, 2015



daten erkannt werden, weil sich die einzelnen Fälle über mehrere Kreise so verteilen, dass dort diese Häufung gar nicht wahrgenommen werden kann.

Die Meldungen durch Ärzte oder Labore müssen innerhalb von 24 Stunden nach erlangter Kenntnis dem Gesundheitsamt vorliegen. Die gemeldeten Erkrankungen und Erregernachweise, die die Faldefinition erfüllen, müssen vom Gesundheitsamt spätestens am folgenden Arbeitstag an die zuständige Landesbehörde sowie von dort spätestens am folgenden Arbeitstag an das RKI übermittelt werden (s. Kap. 2).

Für das Jahr 2015 wurden für die namentlich an das Gesundheitsamt gemeldeten Erkrankungen und Erregernachweise die Zeitintervalle zwischen den einzelnen Etappen des Melde- und Übermittlungsweges berechnet (s. Abb. 3.5.1). In den verschiedenen Kategorien ist der Median (50. Perzentil; Linie), das 25. und das 75. Perzentil (p25 bzw. p75; Kasten) sowie das 10. und das 90. Perzentil (Linien) abgebildet. In diese Berechnung gingen nur die Fälle ein, die mittels SurvNet@RKI Version 3 vom Gesundheitsamt übermittelt wurden. Im Vergleich zu 2014 hat sich die Zahl der mit SurvNet@RKI Version 3 erfassten und übermittelten Fälle von 148.136 auf 243.870 erhöht.

Meldungen, die nicht mit SurvNet@RKI Version 3 übermittelt werden, erfassen lediglich die Meldewoche anstelle von datumsgenaue Angaben, somit kann bei diesen kein Zeitintervall in Tagen gemessen werden.

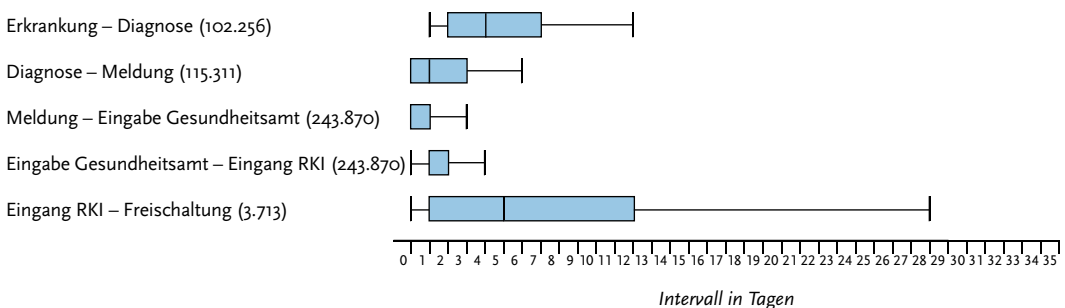
Folgende in der Datenbank am RKI vorliegende Zeitangaben wurden zur Berechnung der Intervalle verwendet:

- ▶ Erkrankungsdatum: Datum des Erkrankungsbeginns
- ▶ Diagnosedatum: Datum der ärztlichen Diagnose oder durch ein Labor (bei differierenden Angaben in der Arzt- oder Labormeldung bzw. in der Meldung aus einer Gemeinschaftseinrichtung das früheste Datum)
- ▶ Meldedatum: Datum des Eingangs einer Meldung beim Gesundheitsamt
- ▶ Falleingabedatum: Datum der Eingabe des Falls in die Übermittlungssoftware am Gesundheitsamt; entspricht dem Eingabe-Zeitstempel am Gesundheitsamt der ersten übermittelten Version des Falls
- ▶ Eingangsdatum beim RKI: Zeitstempel der Übernahme eines Falls in die RKI-Datenbank
- ▶ Freischaltungsdatum: Tag, an dem ein Fall, der der Einzelfallkontrolle durch einen Mitarbeiter des RKI unterliegt, zur Veröffentlichung freigegeben wurde. Letzteres betrifft nur eine kleine Anzahl der Fälle.

Verzug auf dem Melde- und Übermittlungsweg

Die erste Verzögerung betrifft die Zeitspanne vom Erkrankungsdatum bis zum Diagnosedatum. Sie hängt von Art, Schwere und Verlauf der Erkran-

Abb. 3.5.1: Melde- und Übermittlungsverzug der gemäß § 6 Abs. 1 Nr. 1 und § 7 Abs. 1 IfSG namentlich meldepflichtigen Krankheiten und Erregernachweise, Deutschland, 2015 (Anzahl der ausgewerteten Fälle in Klammern)



kung, vom Verhalten des Erkrankten und von der Art der Diagnosestellung ab und lässt sich demgemäß nur schwer beeinflussen. Dieses Intervall zwischen Erkrankungsbeginn und Diagnosedatum konnte bei 50 % der für 2015 übermittelten Fälle berechnet werden. Im Jahr 2015 dauerte es im Median 4 Tage vom Beginn der Erkrankung bis zum Diagnosedatum. Bei den mittleren 50 % der Fälle, also jenen zwischen dem 25. und dem 75. Perzentil, vergingen zwischen Erkrankungsbeginn und Diagnosestellung 2 (p25) bis 7 Tage (p75).

Der Verzug auf dem Meldeweg, definiert als Zeitraum zwischen Diagnosedatum und Meldedatum, sollte gemäß § 9 Abs. 3 IfSG 24 Stunden nicht überschreiten. Bei 47 % der im Jahr 2015 mittels SurvNet@RKI Version 3 übermittelten Fälle konnte diese Zeitspanne bestimmt werden. Der Median lag wie auch im Vorjahr bei 1 Tag (p25=0; p75=3).

Weitere Verzögerungen können durch die Bearbeitung im Gesundheitsamt (Zeitraum zwischen Meldedatum und Falleingabedatum im Gesundheitsamt) verursacht werden. Bei 100 % der für 2015 übermittelten Fälle konnte das Intervall zwischen Meldedatum und Falleingabedatum bestimmt werden. Im Median belief sich, wie in den drei Vorjahren, der Verzug auf 0 Tage (p25=0; p75=1).

Der Verzug auf dem Übermittlungsweg (Zeitraum zwischen dem Falleingabedatum und Eingangsdatum) dauerte genau wie im letzten Jahr im Median 1 Tag (p25=1; p75=2).

Eine weitere Verzögerung kann sich durch die Datenaufbereitung und Qualitätskontrolle, die der bundesweiten wöchentlichen Veröffentlichung der Daten vorangeht, ergeben (Zeitraum zwischen Eingangsdatum und Freischaltungsdatum). Fälle,

die einer Einzelfallkontrolle unterliegen, werden mit größerem Verzug veröffentlicht. Das Intervall zwischen Eingang am RKI und Freischaltung wurde für 3.713 der einer Einzelfallkontrolle unterliegenden Fälle berechnet. Der Median lag bei 5 Tagen (p25=1; p75=12).

Der Verzug der Freischaltung kann durch verschiedene Faktoren beeinflusst werden. Dazu zählen z. B. die Dauer der initialen Qualitätsprüfung am RKI, die Komplexität einzelner Fälle, die aufgrund der Qualitätskontrolle zunächst zurückgehalten werden und erst nach Korrektur durch das zuständige Gesundheitsamt zur Veröffentlichung freigegeben werden, sowie technische Schwierigkeiten auf der Ebene der Gesundheitsämter, die dazu führen können, dass die geforderten Korrekturen in Einzelfällen mehrere Wochen dauern.

Eine gesonderte Betrachtung des Meldeverzugs für Krankheiten durch Erreger, die gemäß § 7 Abs. 3 IfSG meldepflichtig sind, entfällt, da bei diesen nichtnamentlich meldepflichtigen Erregernachweisen der Diagnosezeitpunkt lediglich monatsgenau angegeben werden darf und die Berechnung deshalb zu ungenau wäre.

3.6 Prozentuale Ergebnisdarstellung

In den erregerspezifischen Abschnitten in Kapitel 6 werden für einige Variablen nicht nur die absoluten Häufigkeiten, sondern auch relative Häufigkeiten angegeben. Die Summen der Prozentwerte können rundungsbedingt geringfügig von 100 % abweichen.

4 Krankheitsübergreifende Auswertung

Im Folgenden werden die Krankheiten unter epidemiologischen Aspekten, wie Angaben zur Person, zum Ort und zurzeit sowie unter klinischen Aspekten miteinander verglichen. Detaillierte Angaben zu den einzelnen Krankheiten können im Kapitel 6 »Spezielle Krankheiten« nachgelesen werden. Beim krankheitsübergreifenden Vergleich ist zu beachten, dass für die verschiedenen Krankheiten unterschiedliche Falldefinitionskategorien die Referenzdefinitionen erfüllen (s. Kap. 2.2). So werden z. B. für Norovirus-Gastroenteritis nur klinisch-labor diagnostisch bestätigte Erkrankungen gezählt (Falldefinitionskategorie C), während bei anderen gastrointestinalen Krankheiten, wie z. B. bei Rotavirus-Gastroenteritis, neben klinisch-labor diagnostisch bestätigten Erkrankungen (Falldefinitionskategorie C) auch klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen (Falldefinitionskategorie B) die Referenzdefinition erfüllen.

4.1 Inzidenzen

In Abb. 4.1.1 ist die Inzidenz aller meldepflichtigen Krankheiten dargestellt, bei denen im Jahr 2015 mindestens ein Fall aufgetreten ist. Zu den häufigsten Krankheiten gehören hauptsächlich gastrointestinale Krankheiten, wie Norovirus-Gastroenteritis (110 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner), *Campylobacter*-Enteritis (87), Rotavirus-Gastroenteritis (41) und Salmonellose (17) sowie Influenza (96) und Windpocken (29).

4.2 Verteilung nach krankheitsübergreifenden epidemiologischen Aspekten

Im Folgenden werden krankheitsübergreifende epidemiologische Aspekte meldepflichtiger Krankheiten analysiert. Dabei wird die Verteilung nach Alter und Geschlecht sowie nach regionalen und saisonalen Aspekten dargestellt.

Fälle nach Alter

In Abb. 4.2.1 ist die Gesamtinzidenz aller meldepflichtigen Krankheiten im Jahr 2015 altersgruppenspezifisch dargestellt. Die Gesamtinzidenz war bei Säuglingen und Kindern in den Altersgruppen von 0 bis 4 Jahren am höchsten, gefolgt von der Altersgruppe der Kinder im Alter zwischen 5 und 9 Jahren und den älteren Menschen im Alter über 79 Jahren.

In Abb. 4.2.2 ist die Altersverteilung für ausgewählte meldepflichtige Krankheiten mit über 600 Fällen im Jahr 2015 dargestellt. Die Meldekategorien sind nach Median (50. Perzentil; Linien) sortiert und zusätzlich sind das 25. und das 75. Perzentil (Kasten) sowie das 10. und das 90. Perzentil (Linien) abgebildet. Den geringsten Altersmedian haben Rotavirus-Gastroenteritis (5 Jahre) und Windpocken (6 Jahre). Der Median von weiteren impfpräventablen Krankheiten, wie Mumps und Keuchhusten, lag hingegen bei 25 bzw. 40 Jahren. Sexuell und durch Blut übertragbare Krankheiten, wie Hepatitis B und C, HIV und Syphilis, betrafen im Median v. a. Personen im Alter (Median) zwischen 35 und 40 Jahren. Reiseassoziierte Krankheiten, wie Malaria und Denguefieber, trafen bei Personen im Alter (Median) von 28 bzw. 31 Jahren auf. Krankheiten, die vor allem ältere Personen betrafen, waren Listeriose und invasive MRSA-Infektionen. Hier lag der Altersmedian bei 70 bzw. 74 Jahren.

Abb. 4.1.1:
Inzidenz (logarithmisch) und Anzahl der Fälle aller meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens einem Fall,
Deutschland, 2015

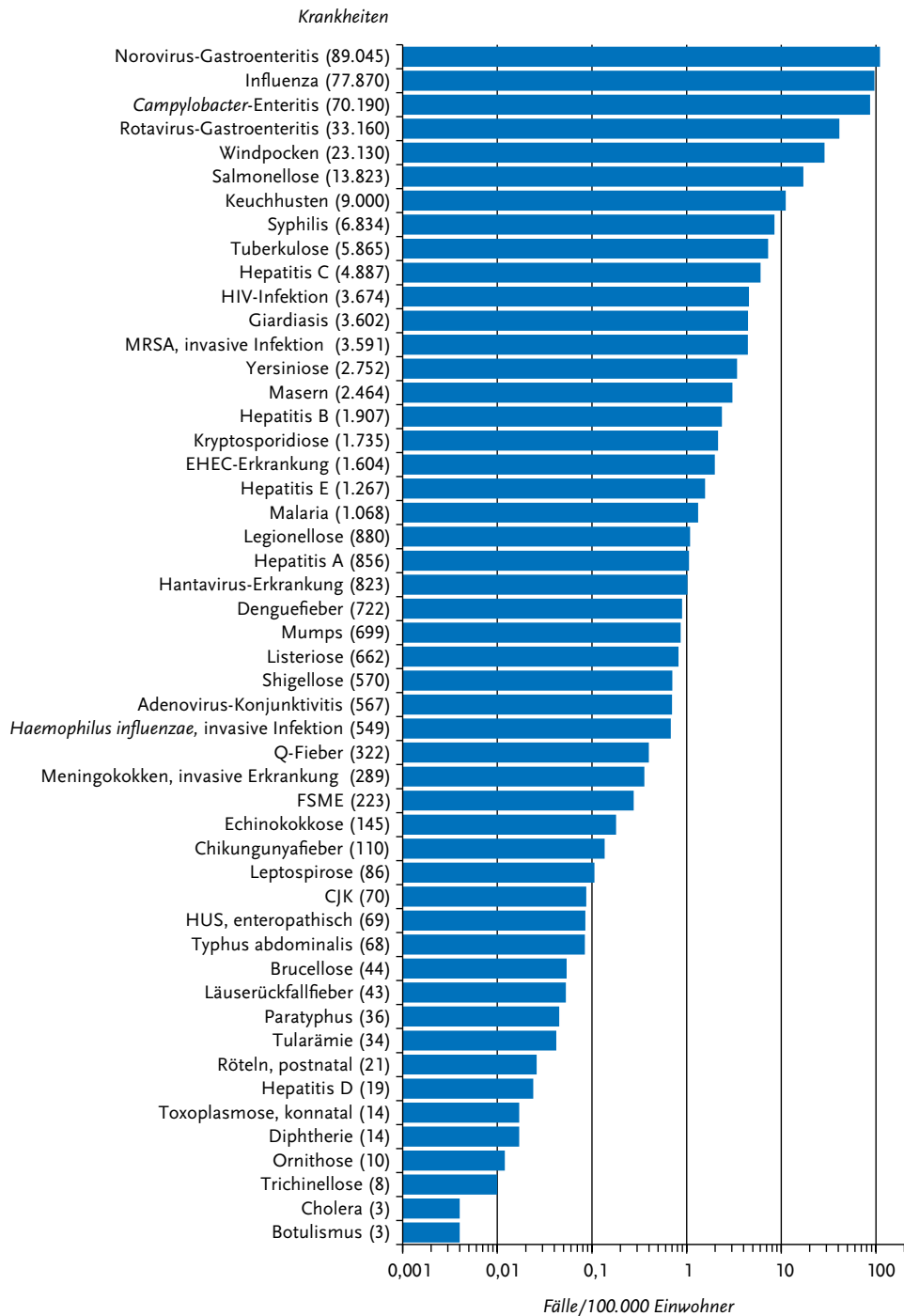


Abb. 4.2.1:
Gesamtinzidenz aller meldepflichtigen Krankheiten nach Altersgruppe, Deutschland, 2015

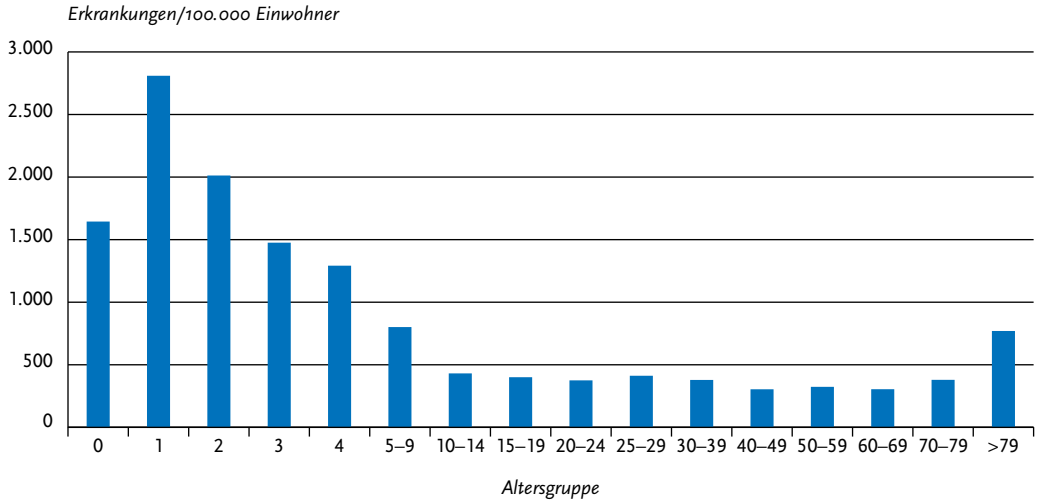
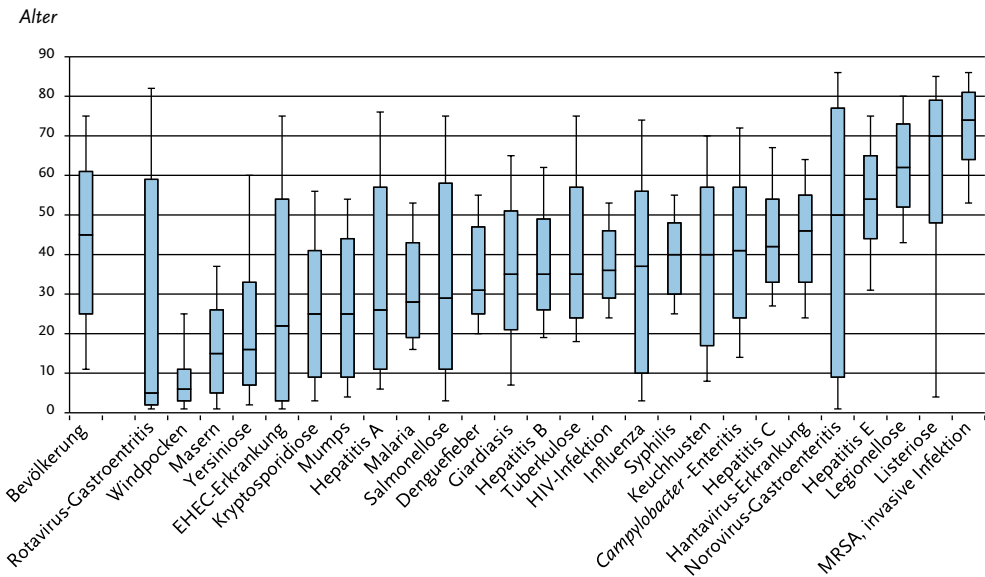


Abb. 4.2.2:
Verteilung der Fälle (Median sowie 10., 25. und 90. Perzentile) nach Alter bei ausgewählten meldepflichtigen Krankheiten mit über 600 Fällen, Deutschland, 2015



Fälle nach Geschlecht

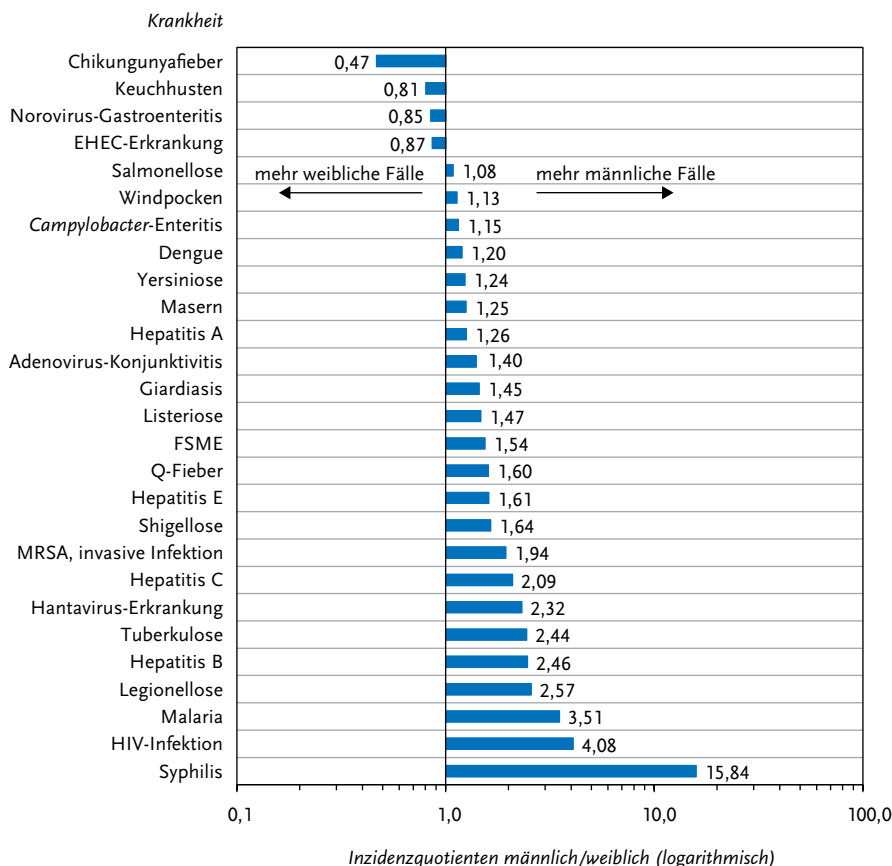
In Abb. 4.2.3 sind die Krankheiten mit statistisch signifikanten ($p < 0,05$) Inzidenzunterschieden bei Männern und Frauen sowie einer Mindestanzahl von 100 übermittelten Fällen dargestellt. Bei der Mehrzahl der meldepflichtigen Krankheiten war die Inzidenz bei Männern höher als bei Frauen. Das gilt v.a. für sexuell und durch Blut übertragbare Krankheiten, wie Syphilis, HIV-Infektion und Hepatitis B, aber auch für Malaria und Legionellose. Dagegen waren die Inzidenzen von Chikungunyafieber, Keuchhusten, Norovirus-Gastroente-

ritis und EHEC-Erkrankung bei Frauen höher als bei Männern.

Fälle nach Region

In Abb. 4.2.4 sind die Krankheiten mit statistisch signifikanten Inzidenzunterschieden zwischen Stadt- und Landkreisen (einschließlich Region Hannover und Städteregion Aachen) dargestellt. Erregernachweise, die nichtnamentlich direkt an das RKI gemeldet werden, wurden hierbei nicht berücksichtigt, da bei diesen keine Zuordnung zu

Abb. 4.2.3: Verhältnis der Inzidenzen männlicher und weiblicher Fälle (Inzidenzquotient, logarithmisch) für Krankheiten mit statistisch signifikanten Geschlechtsunterschieden und mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2015



Kreisen möglich ist (s. Kap. 2.2). Die Abbildung zeigt, dass in Stadtkreisen höhere Inzidenzen u. a. für reiseassoziierte Infektionskrankheiten wie Shigellose, Denguefieber, Chikungunyafieber und Giardiasis sowie für impfpräventable Krankheiten wie Masern, Mumps, und Hepatitis A beobachtet wurden. Aber auch Krankheiten wie Adenovirus-Konjunktivitis, Tuberkulose und Hepatitis C wiesen eine höhere Inzidenz in Stadtkreisen auf.

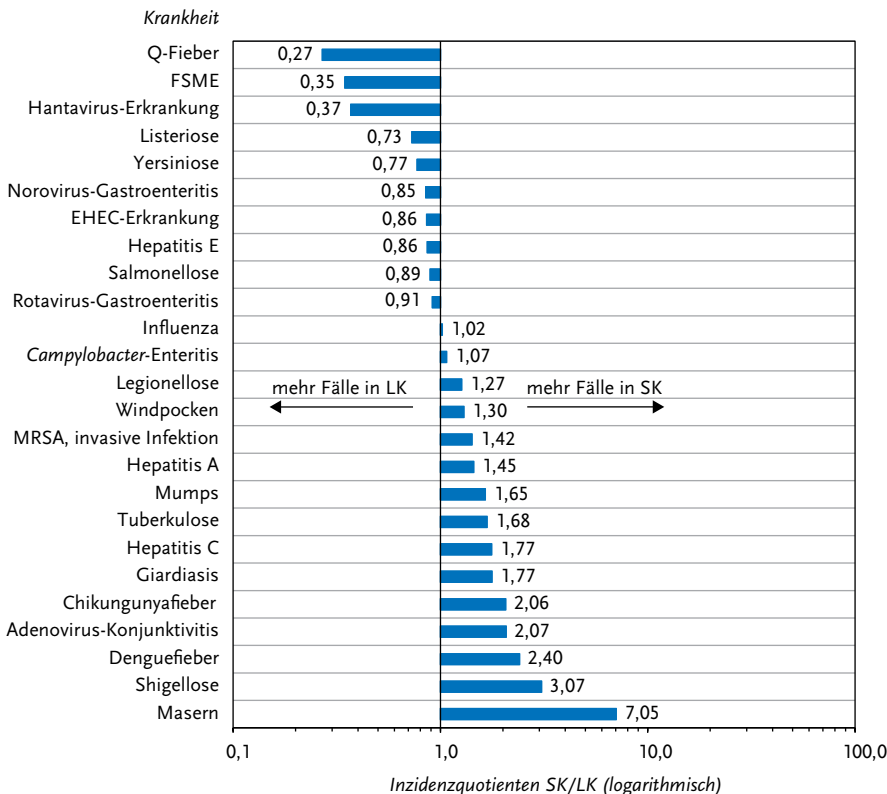
In Landkreisen wurden hingegen höhere Inzidenzen bei Zoonosen wie Q-Fieber, FSME und Hantavirus-Erkrankung, bei gastrointestinalen Krankheiten wie Listeriose, Yersiniose, Norovirus-Gastroenteritis, EHEC-Erkrankung, Hepatitis E, Salmonellose und Rotavirus-Gastroenteritis festgestellt.

4.3 Klinische Aspekte

Hospitalisierungen

In Tab. 4.3.1 sind die Anzahl und der Anteil der hospitalisierten Fälle von namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mehr als 100 Fällen im Jahr 2015 dargestellt. Krankheiten, die der Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 3 IfSG unterliegen, wurden nicht betrachtet, da bei diesen – mit Ausnahme von Malaria – Hospitalisierungsdaten nicht erhoben werden. Angaben zur Hospitalisierung lagen für 76 % der übermittelten Fälle vor. Von diesen wurden insgesamt 39 % stationär im Krankenhaus behandelt.

Abb. 4.2.4: Verhältnis der Inzidenzen in Stadtkreisen (SK) und Landkreisen (LK) (Inzidenzquotient, logarithmisch) für Krankheiten mit statistisch signifikanten Unterschieden und mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2015



Tab. 4.3-1:
Anteil der hospitalisierten Fälle und Anteil der Verstorbenen bei den namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 100 Fällen, Deutschland 2015

Erkrankung	Fälle gesamt	Fälle mit Angaben zur Hospitalisierung	Hospitalisierte Fälle		Fälle mit Angabe zum Tod	Verstorbene Fälle
	Anzahl	Anzahl	Anzahl	Anteil (%)	Anzahl	Anzahl
Adenovirus-Konjunktivitis	567	358	55	15	549	0
<i>Campylobacter</i> -Enteritis	70.190	55.200	14.401	26	67.113	4
Chikungunyafieber	110	76	17	22	110	0
Denguefieber	722	518	193	37	711	0
EHEC-Erkrankung	1.604	1.271	385	30	1.532	1
FSME	223	202	186	92	218	0
Giardiasis	3.602	2.602	364	14	3.490	0
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Erkrankung	549	504	488	97	531	26
Hantavirus-Erkrankung	823	548	442	81	796	2
Hepatitis A	856	735	506	69	828	3
Hepatitis B	1.907	1.497	374	25	1.852	2
Hepatitis C	4.887	3.129	801	26	4.712	5
Hepatitis E	1.267	1.063	693	65	1.224	5
Influenza	77.870	52.616	11.790	22	74.556	158
Keuchhusten	9.000	7.180	408	5,7	8.605	0
Kryptosporidiose	1.735	1.323	157	12	1.644	0
Legionellose	880	806	770	96	854	46
Listeriose	662	606	518	86	645	46
Masern	2.464	1.950	576	30	2.439	1
Meningokokken, invasive Erkrankung	289	277	273	99	282	27
MRSA, invasive Infektion	3.591	3.304	3.186	96	3.419	238
Mumps	699	535	101	19	682	0
Norovirus-Gastroenteritis	89.045	71.929	42.480	59	85.214	21
Q-Fieber	322	180	123	68	319	0
Rotavirus-Gastroenteritis	33.160	25.724	14.931	58	31.805	6
Salmonellose	13.823	11.165	4.604	41	13.200	16
Shigellose	570	412	106	26	561	0
Tuberkulose	5.865	4.891	4.275	87	5.657	105
Windpocken	23.130	15.878	929	5,9	22.276	3
Yersiniose	2.752	2.191	733	34	2.649	0

Die höchsten Hospitalisierungsraten von mehr als 90% wurden für invasive Meningokokken-Erkrankung, invasive *Haemophilus-influenzae*-Erkrankung, invasive MRSA-Infektion, Legionellose und FSME ermittelt. Die größte Anzahl von Hospitalisierungen wurde bei Norovirus-Gastroenteritis (42.480), Rotavirus-Gastroenteritis (14.931), *Campylobacter*-Enteritis (14.401) und Influenza (11.790) beobachtet. Das sind gleichzeitig die Krankheiten mit den höchsten Inzidenzen.

Todesfälle

Obwohl Angaben zum Tod zu den melde- und übermittlungspflichtigen Meldeinhalten zählen, ist bekannt, dass in den Gesundheitsämtern bei der Ermittlung von Todesfällen und der Bewertung der entsprechenden Informationen unterschiedlich vorgegangen wird. So kann z. B. bei multimorbiden Patienten nicht immer eindeutig bestimmt werden, ob die Infektion oder eine der Vorerkrankungen zum Tod geführt hat. Außerdem kann bei einigen Krankheiten eine lange Zeitspanne zwischen Erkrankungsbeginn und Tod liegen, sodass solche Fälle gegebenenfalls fälschlicherweise nicht als verstorben übermittelt werden, weil die Ermittlungen des Gesundheitsamtes zum Zeitpunkt des Todes möglicherweise schon abgeschlossen waren.

Gleichzeitig ist es wahrscheinlicher, dass schwere Krankheitsverläufe, die zum Tod geführt haben, gemeldet werden, als leichte Krankheitsverläufe. In der Folge könnte es einerseits zu einer Unterschätzung der Anzahl der Todesfälle, andererseits zu einer Überschätzung der Letalität einer Infektionskrankheit kommen. Daher können die folgenden Angaben kein exaktes Abbild liefern, sondern nur Hinweise zur Einschätzung der Letalität der Krankheiten geben.

Angaben zum Tod lagen für über 96% der übermittelten Fälle vor, von denen insgesamt weniger als 1% krankheitsbedingt verstorben sind.

In Tab. 4.3.1 sind Anzahl und Anteil der Todesfälle der namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 100 Fällen im Jahr 2015 dargestellt. Krankheiten, die der Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 3 IfSG unterliegen, wurden hierbei nicht berücksichtigt, da bei diesen nicht erhoben wird, ob die Person verstorben ist. Der höchste Anteil Verstorbenen wurde für invasive Meningokokken-Erkrankung (9%), Listeriose (7%), invasive MRSA-Infektion (7%), Legionellose (5%) und invasive *Haemophilus-influenzae*-Erkrankung (5%) übermittelt. Die größte Anzahl von Todesfällen wurde bei invasiven MRSA-Infektionen (238), Influenza (158) und Tuberkulose (105) beobachtet.

5 Ausbrüche

Als Ausbrüche werden im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch Gruppen solcher Fälle bezeichnet, für die im Laufe des Meldeprozesses ein epidemiologischer Zusammenhang dokumentiert wurde. Fälle können in der Übermittlungssoftware auf der Ebene des Gesundheitsamtes, der zuständigen Landesbehörde oder des RKI verknüpft werden, um ihre Zugehörigkeit zu einem Ausbruch anzuzeigen.

Zusätzlich können in der Übermittlungssoftware auch Ausbrüche miteinander verknüpft und dadurch zusammengefasst werden. So ist es z. B. möglich, dass 2 Ausbrüche, die in verschiedenen Gesundheitsämtern eines Bundeslandes erzeugt wurden, auf Landesebene zusammengefasst und dann auf Bundesebene mit weiteren Ausbrüchen in anderen Bundesländern verknüpft werden.

Die in diesem Jahrbuch dargestellten Ausbrüche sind also Ansammlungen von Fällen, bei denen über die rein zeitliche und räumliche Häufung hinaus Gründe für die Feststellung eines epidemiologischen Zusammenhangs vorliegen.

Zum besseren Verständnis der im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch angegebenen Zahlen sind folgende Regeln zu beachten:

- ▶ Bei der Ermittlung der Fallzahl (Anzahl der enthaltenen Fälle) werden nur die Fälle gezählt, die die Referenzdefinition erfüllen.
- ▶ Ausbrüche werden nach der Fallzahl in solche mit 2 bis 4 Fällen und solche mit 5 oder mehr Fällen eingeteilt, da bei letzteren anzunehmen ist, dass es sich um haushaltsübergreifende Geschehen handelt. Ausbrüche, bei denen nur ein einzelner Fall die Referenzdefinition erfüllt, werden nicht in die Auswertung einbezogen.
- ▶ Ein Ausbruch wird in dem Meldejahr gezählt und ausgewertet, in dem sein Meldebeginn liegt. Der Meldebeginn ist der Meldezeitpunkt des zuerst gemeldeten Falles, unabhängig davon, ob dieser die Referenzdefinition erfüllt. Das bedeutet, dass es theoretisch möglich ist, dass ein Fall, der bei der Fallzahl des Ausbruchs nicht mitgezählt wird, dennoch seinen Meldebeginn festlegt.

- ▶ Zur Fallzahl eines Ausbruchs tragen alle zugeordneten Fälle bei, unabhängig vom Meldejahr der Fälle. Dies kann unter Umständen dazu führen, dass die Anzahl der Fälle in Ausbrüchen eines Meldejahres die Gesamtzahl der Fälle des Meldejahres übersteigt.
- ▶ Es werden nur die Ausbrüche der obersten Ebene mit mindestens 2 Fällen, die die Referenzdefinition erfüllen, ausgewertet. Das bedeutet, dass bei Verknüpfung von 2 Ausbrüchen A und B zu einem Ausbruch C nur ein Ausbruch (nämlich C) gezählt wird. Als Fälle dieses Ausbruchs werden dann alle Fälle der Ausbrüche A und B gezählt.
- ▶ Enthält eine Häufung Fälle mehrerer Krankheiten, so werden jeweils nur die Fälle einer Krankheit als zu einem Ausbruch gehörig betrachtet. Eine Ausnahme bilden Ausbrüche mit EHEC- und HUS-Fällen. Hier werden HUS-Fälle, die im Rahmen von EHEC-Ausbrüchen gemeldet werden, bei der Auswertung dieser Ausbrüche mit einbezogen. Ein solcher Ausbruch wird als HUS-Ausbruch gewertet, wenn mindestens ein HUS-Fall enthalten ist.

Zu beachten ist, dass diese Regeln rückwirkend auch auf Ausbrüche früherer Jahre angewendet wurden, sodass es gegenüber früheren Jahrbüchern zu abweichenden Zahlen kommen kann.

Bei Norovirus-Gastroenteritis (s. Kap. 6.38) erfüllen nur klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankungen die Referenzdefinition, klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen werden nicht berücksichtigt. Im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch werden nur die Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche berichtet, die mindestens 2 klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankungen enthalten. Dadurch kommt es zu einer Unterschätzung der tatsächlichen Anzahl der Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche sowie der im Rahmen von Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüchen übermittelten Fallzahlen. Wegen der daraus resultierenden eingeschränkten Vergleichbarkeit mit den anderen Ausbrüchen werden die Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche im Folgenden bei krank-

heitsübergreifenden Auswertungen nicht berücksichtigt oder gesondert dargestellt.

5.1 Häufigkeit und Dauer der Ausbrüche

In Abb. 5.1.1 sind die Anzahl der übermittelten Ausbrüche sowie die mittlere Anzahl von Fällen pro Ausbruch für die unterschiedlichen Krankheiten dargestellt. Für das Meldejahr 2015 wurden insgesamt 5.651 Ausbrüche übermittelt.

Die Krankheiten mit den meisten Fällen verursachten 2015 auch die meisten Ausbrüche. Für Influenza wurden die meisten Ausbrüche (1.737) mit insgesamt 8.946 darin enthaltenen Fällen übermittelt. Danach folgen Windpocken mit 1.171 Ausbrüchen und 5.115 Fällen sowie Rotavirus-Gastroenteritis mit 1.066 Ausbrüchen und 7.245 Fällen. Erst danach folgen Keuchhusten (342 Ausbrüche mit 950 Fällen) sowie potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche durch *Campylobacter*-Enteritis (465 Ausbrüche mit 1.235 Fällen) und Salmonellose (258 Ausbrüche mit 828 Fällen) (s. Tab. 5.2.1 und 5.2.4, Abb. 5.1.1 a).

Ausbrüche mit den meisten Fällen pro Ausbruch wurden durch Q-Fieber verursacht, in dieser Kategorie wurden im Jahr 2015 12 Ausbrüche mit im Durchschnitt 14 Erkrankungen übermittelt (s. Abb. 5.1.1 und Tab. 5.2.4). Detaillierte Informationen zu den jeweiligen Ausbrüchen finden sich in den erregerspezifischen Kapiteln.

Für Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen wurde die mittlere Dauer der Ausbrüche berechnet. Die Ausbruchsdauer wurde dabei als Zeitdifferenz zwischen dem Erkrankungs- bzw. Diagnosezeitpunkt (ggf. Meldezeitpunkt) des frühesten und des spätesten Falls, bei dem ein solches Datum vorlag, definiert.

In Abb. 5.1.2 sind der Median sowie das 25. und 75. Perzentil der Ausbruchsdauer der Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen dargestellt. Ausbrüche bedingt durch Q-Fieber (Median 64,5 Tage) und Hepatitis A dauerten am längsten (Median: 48 Tage).

5.2 Gruppen von Ausbrüchen

In diesem Kapitel werden verschiedene Gruppen von Ausbrüchen beschrieben. Dabei ist zu beachten, dass die einzelnen Gruppen sich überlappen können. So können nosokomiale Ausbrüche zum Beispiel auch lebensmittelbedingt sein.

Lebensmittelbedingte Ausbrüche

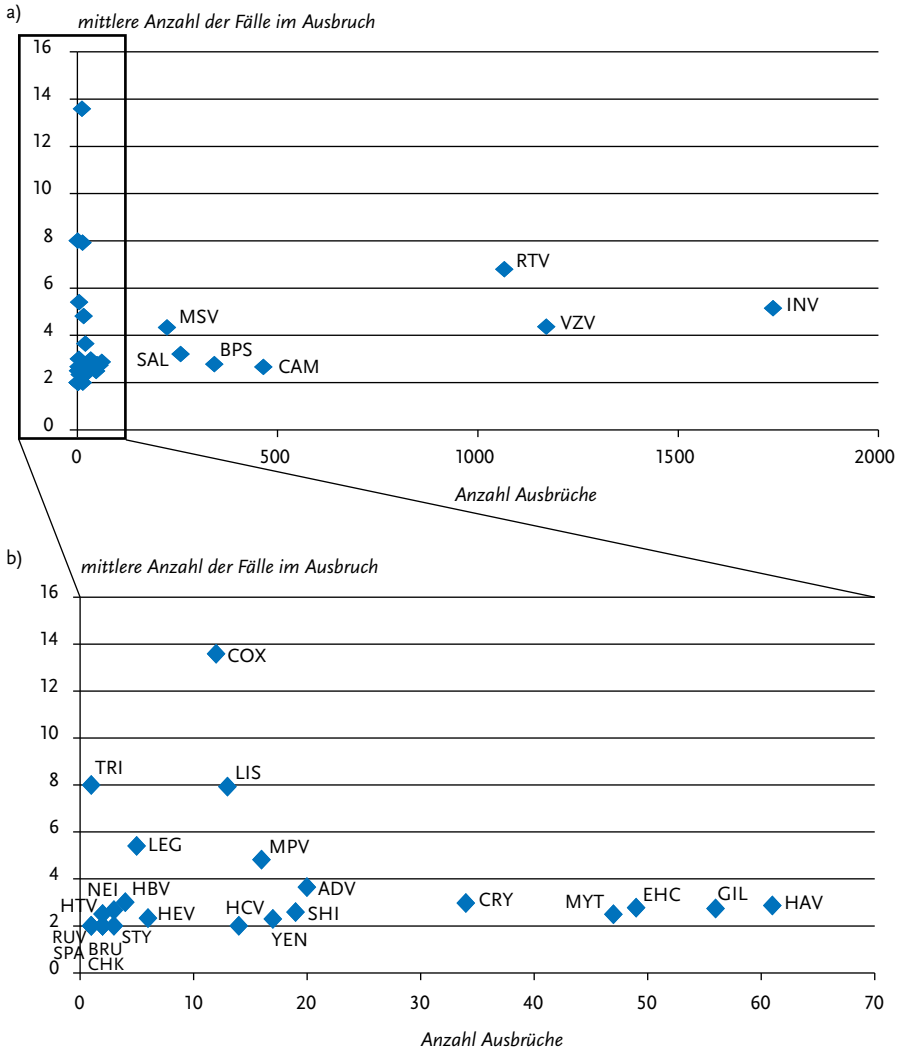
Seit 2004 werden im Rahmen der integrierten Ausbruchserfassung in SurvNet@RKI auch Daten zur Bedeutung von Lebensmitteln als Infektionsvehikel in Ausbrüchen erhoben. Diese Daten sind wichtig für die epidemiologische Betrachtung lebensmittelbedingter Ausbrüche in Deutschland sowie für die Identifizierung des hieraus resultierenden Präventions- und Forschungsbedarfs.

Die nachfolgende Analyse umfasst alle Ausbrüche, bei denen aufgrund des Erregers eine lebensmittelbedingte Übertragung angenommen werden kann (**potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche**). Bei einem Teil von diesen werden in der Ausbruchsdocumentation Lebensmittel explizit genannt. Diese Ausbrüche werden darüber hinaus separat als **explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche** beschrieben.

Ausbrüche durch über Lebensmittel übertragbare Erreger

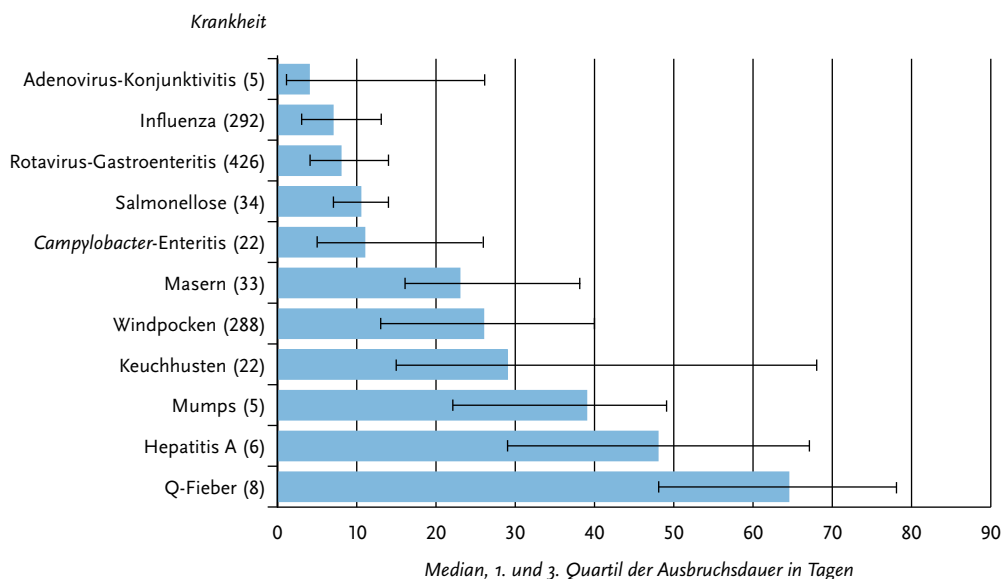
Zu den übermittlungspflichtigen Erregern, die durch Lebensmittel übertragen werden können, gehören: *Brucella* spp., *Campylobacter* spp., *Clostridium botulinum*, *Cryptosporidium* spp., enterohämorrhagische *Escherichia coli* (EHEC), *Francisella tularensis*, *Giardia lamblia*, Hepatitis-A-Virus, Hepatitis-E-Virus, *Listeria monocytogenes*, Norovirus, *Salmonella* Paratyphi, *Salmonella* spp., *Salmonella* Typhi, *Shigella* spp., *Trichinella spiralis*, *Vibrio cholerae* und *Yersinia enterocolitica*. Im Folgenden werden Ausbrüche durch diese Erreger als **potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche** bezeichnet. Ausbrüche durch darm-pathogene Stämme von *E. coli*, die nicht zu den enterohämorrhagischen *E. coli* gehören (vormals übermittelt als »sonstige darm-pathogene *E. coli*«), werden nicht mehr in die Datenauswertung einbezogen, da Erkrankungen, die durch diesen Erreger verursacht werden, seit dem

Abb. 5.1.1:
Anzahl der übermittelten Ausbrüche sowie mittlere Anzahl von Fällen pro Ausbruch für meldepflichtige Krankheiten (ohne Norovirus-Gastroenteritis), Deutschland, 2015



- | | | |
|--------------------------------------|----------------------------|---|
| ADV: Adenovirus-Konjunktivitis | HBV: Hepatitis B | NEI: Meningokokken, invasive Erkrankung |
| BPS: Keuchhusten | HCV: Hepatitis C | RTV: Rotavirus-Gastroenteritis |
| BRU: Brucellose | HEV: Hepatitis E | RUV: Röteln |
| CAM: <i>Campylobacter</i> -Enteritis | HTV: Hantavirus-Erkrankung | SAL: Salmonellose |
| CHK: Chikungunyafieber | INV: Influenza | SPA: Shigellose |
| COX: Q-Fieber | LEG: Legionellose | STY: Typhus |
| CRY: Kryptosporidiose | LIS: Listeriose | TRI: Trichinellose |
| EHC: EHEC-Erkrankung (mit HUS) | MPV: Mumps | VZV: Windpocken |
| GIL: Giardiasis | MSV: Masern | YEN: Yersiniose |
| HAV: Hepatitis A | MYT: Tuberkulose | |

Abb. 5.1.2:
Mittlere Ausbruchsdauer (Median) der 10 Krankheiten, deren Ausbrüche (5 oder mehr Fälle) am häufigsten waren, Deutschland, 2015 (Anzahl der ausgewerteten Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen in Klammern)



01.01.2015 nicht mehr übermittlungspflichtig sind.

Im Jahr 2015 wurden 985 potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche) an das RKI übermittelt. Insgesamt sind in diesen Ausbrüchen 2.853 Erkrankungen aufgetreten (s. Tab. 5.2.1). Bei 465 Ausbrüchen war als Erreger *Campylobacter* spp. angegeben. Im Vergleich zum Vorjahr hat die Anzahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüche um 7% abgenommen. Bei 258 Ausbrüchen war als Erreger *Salmonella* spp. angegeben. Die Anzahl der übermittelten Salmonellose-Ausbrüche sank im Vergleich zum Jahr 2014 um 15%. Damit setzt sich der schon in den Vorjahren beobachtete Rückgang der Anzahl der Salmonellose-Ausbrüche weiter fort. Im Zusammenhang mit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurde kein Todesfall übermittelt.

Ausbrüche mit Angaben zum Lebensmittel bzw. zur Mahlzeit

Insgesamt wurden 318 der potenziell lebensmittelbedingten Ausbrüche (32%; 2014: 31%) als **explizit lebensmittelbedingt** übermittelt. Sie betrafen insgesamt 1.165 Erkrankte (s. Tab. 5.2.1). Darunter waren 179 Ausbrüche durch *Campylobacter* spp. (56%) mit 588 Fällen und 106 Ausbrüche durch *Salmonella* spp. (33%) mit 417 Fällen (s. Tab. 5.2.1). Wie im Vorjahr ist damit der Anteil der Ausbrüche durch *Campylobacter* spp. an den explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen höher als der Anteil der Ausbrüche durch *Salmonella* spp.

Bei 163 Ausbrüchen (51%) wurden keine Angaben zum verdächtigten Lebensmittel übermittelt. Unter den übrigen 155 Ausbrüchen wurde insgesamt 185-mal ein Infektionsvehikel angegeben (Mehrfachnennungen möglich), darunter waren am häufigsten die Lebensmittel Fleisch oder

Tab. 5.2.1:
Potenziell (durch über Lebensmittel übertragbare Erreger) und explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2015

Erreger	Potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	
Bakterien	<i>Campylobacter</i> spp.	465	1.235	179	588
	<i>Salmonella</i> spp.	258	828	106	417
	EHEC*	49	136	6	17
	<i>Shigella</i> spp.	19	49	3	6
	<i>Yersinia enterocolitica</i>	17	39	2	4
	<i>Listeria monocytogenes</i>	13	103	4	85
	<i>Salmonella</i> Typhi	3	6	1	2
	<i>Brucella</i> spp.	2	4	1	2
	<i>Salmonella</i> Paratyphi	1	2		
Viren	Hepatitis-A-Virus	61	175	3	8
	Hepatitis-E-Virus	6	14	2	5
Parasiten	<i>Giardia lamblia</i>	56	153	7	17
	<i>Cryptosporidium parvum</i>	34	101	3	6
	<i>Trichinella</i> spp.	1	8	1	8
Gesamt	985	2.853	318	1.165	

* einschließlich HUS

Fleischprodukte (n=85; 46%), Milch oder Milchprodukte (n=32; 17%), Ei oder Eiprodukte (n=24; 13%) und Suppen oder Saucen (n=15; 8%). Unter den explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurde auch 8-mal eine Mahlzeit bzw. ein Lebensmittel als Infektionsvehikel verdächtigt, ohne dass ein bestimmtes Lebensmittel sicher eingegrenzt werden konnte (s. Tab. 5.2.2).

Bei einem Großteil der *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüche mit Angaben zum verdächtigsten Lebensmittel wurden am häufigsten Fleisch oder Fleischprodukte angegeben (56%), gefolgt von Milch oder Milchprodukten (23%). Für Salmonellose-Ausbrüche waren vor allem Fleisch oder

Fleischprodukte (37%) und Ei oder Eiprodukte (31%) verantwortlich.

Bei der Interpretation der Daten muss berücksichtigt werden, dass die Informationen, die die integrierte Ausbruchserfassung liefert, zum Teil unvollständig sind und bisher nur stichprobenartig und nicht systematisch evaluiert wurden. So ist insbesondere der Anteil lebensmittelbedingter Ausbrüche durch *Salmonella* spp. und *Campylobacter* spp. mit Sicherheit zu niedrig angegeben, da davon auszugehen ist, dass der Großteil dieser Erkrankungen über kontaminierte Lebensmittel erworben wird.

Tab. 5.2.2:
Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche nach Lebensmittelvehikel und Erreger
(ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2015

Lebensmittel	Gesamt	CAM	SAL	GIL	EHC	LIS	CRY	HAV	SHI	HEV	YEN	STY	BRU	TRI
Fleisch, Fleischprodukte	85	57	24	1	1					1				1
Milch, Milchprodukte	32	23	5		2	1							1	
Ei, Eiprodukte	24	4	20											
Suppen, Saucen	15	6	8			1								
Fisch, Meeresfrüchte	10	3	4	1		1		1						
Gemüse, Gemüseprodukte	5	4				1								
Getränke (keine Milch)	3	1					1					1		
Obst, Obstprodukte	2	1		1										
Zucker, Zuckerprodukte, Schokoladen, Süßigkeiten	1		1											
Mahlzeit steht in Verdacht, aber Lebensmittel nicht eingrenzbar	8	3	3		1		1							
Gesamt (Nennungen*)	185	102	65	3	4	4	2	1	0	1	0	1	1	1
Anzahl Ausbrüche mit Lebensmittelangabe	155	87	54	1	4	2	2	1	0	1	0	1	1	1
Anzahl Ausbrüche ohne Lebensmittelangabe	163	92	52	6	2	2	1	2	3	1	2	0	0	0
Gesamt (explizit lebens- mittelbedingte Ausbrüche)	318	179	106	7	6	4	3	3	3	2	2	1	1	1

* Mehrfachnennungen möglich

CAM: *Campylobacter* spp.

SAL: *Salmonella* spp.

GIL: *Giardia lamblia*

EHC: EHEC

LIS: *Listeria monocytogenes*

CRY: *Cryptosporidium* spp

HAV: Hepatitis-A-Virus

SHI: *Shigella* spp.

HEV: Hepatitis-E-Virus

YEN: *Yersinia enterocolitica*

STY: *Salmonella* Typhi

BRU: *Brucella* spp.

TRI: *Trichinella* spp.

Lebensmittelbedingte Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche

Für das Jahr 2015 wurden 19 explizit lebensmittelbedingte Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche erfasst. Bei 12 (63%) Ausbrüchen wurden keine Angaben zum Lebensmittel übermittelt. Für 7 Ausbrüche (37%) lagen Angaben zu einem verdächtigten Lebensmittel vor (Mehrfachnennungen möglich). Von insgesamt 13 Nennungen entfielen jeweils 3 auf Ei oder Eiprodukte bzw. Fisch oder Meeresfrüchte und jeweils 2 auf Milch oder Milchprodukte bzw. Getränke (keine Milch). Öle oder

Fette bzw. Obst oder Obstprodukte wurden jeweils einmal als verdächtigtes Lebensmittelvehikel genannt. Damit wurden 0,5% aller Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche (3.975) im Zusammenhang mit Lebensmitteln übermittelt. Insgesamt umfassten die explizit lebensmittelbedingten Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche 73 Fälle. Wie oben beschrieben ist davon auszugehen, dass die tatsächliche Anzahl der Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche sowie die im Rahmen von Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüchen übermittelten Fallzahlen unterschätzt werden.

Nosokomiale Ausbrüche

Ein dem Gesundheitsamt gemäß § 6 Abs. 3 IfSG gemeldetes gehäuftes Auftreten nosokomialer Infektionen ist gemäß § 11 Abs. 2 IfSG an die zuständige Landesbehörde und von dort an das Robert Koch-Institut zu übermitteln.

Fälle, die zu einem nosokomialen Ausbruchsgeschehen gehören, können in Abhängigkeit von der Erkrankung beziehungsweise dem Erregernachweis gleichzeitig auch andere Meldetatbestände erfüllen und somit anderen Meldekategorien zugeordnet werden. Die Meldepflicht gemäß § 6 Abs. 3 IfSG und die Übermittlungspflicht gemäß § 11 Abs. 2 IfSG bleiben hiervon unberührt.

Die Daten zu nosokomialen Ausbrüchen werden elektronisch übermittelt. Für Gesundheitsämter, denen die entsprechende Meldesoftware noch nicht zur Verfügung steht, besteht weiterhin die Möglichkeit, einen Übermittlungsbogen zu nutzen.

Die nachfolgende Darstellung basiert auf der Auswertung der an das RKI übermittelten Ausbruchsmeldungen gemäß § 11 Abs. 2 IfSG anhand der eingegangenen Übermittlungsbögen und der in SurvNet@RKI erfolgten Übermittlungen.

Aufgrund häufig fehlender Angabe des Meldedatums auf den Übermittlungsbogen wird bei der Auswertung der Übermittlungsbögen ein noso-

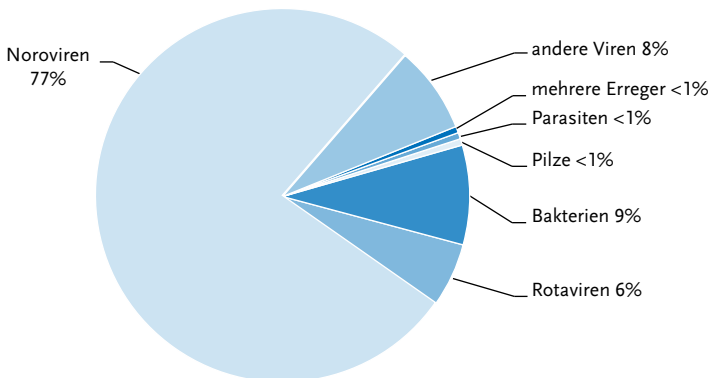
komialer Ausbruch bezogen auf das Jahr gezählt, in dem das Übermittlungsdatum des Ausbruchs liegt. Die Auswertung der elektronisch übermittelten Ausbrüche erfolgt bezogen auf das Meldejahr, in dem der Meldebeginn für den Ausbruch liegt.

Im Jahr 2015 wurden dem RKI insgesamt 1.641 nosokomiale Ausbrüche gemäß § 11 Abs. 2 IfSG übermittelt, davon 1.449 Ausbrüche elektronisch und 192 auf Übermittlungsbögen.

Bei insgesamt 123 nosokomialen Ausbrüchen konnte kein Erreger ermittelt werden. Von den 1.518 nosokomialen Ausbrüchen mit Erregerangabe wurden 143 Ausbrüche (9,4 %) durch bakterielle Erreger, 1.368 (90 %) durch virale Erreger, ein Ausbruch durch Pilze und 5 durch Parasiten hervorgerufen. Insgesamt waren 14.522 Fälle nosokomialen Ausbrüchen zuzuordnen, davon waren 858 Fälle Ausbrüchen zuzuordnen, die durch bakterielle Erreger hervorgerufen wurden. Es wurden insgesamt 127 Todesfälle übermittelt, 76 im Zusammenhang mit Ausbrüchen bakterieller Erreger (s. Abb. 5.2.1 und Tab. 5.2.3).

Im Vergleich zum Vorjahr wurden 2015 mehr nosokomiale Ausbrüche mittels Meldesoftware übermittelt. Der deutliche Anstieg in der Gesamtzahl 2015 übermittelter nosokomialer Ausbrüche im Vergleich zum Vorjahr ist vorwiegend auf die vermehrte Übermittlung von Ausbrüchen mittels Meldesoftware zurückzuführen.

Abb. 5.2.1:
Nosokomiale Ausbrüche mit Angabe des Erregers (n=1.518) nach Erreger, Deutschland, 2015



Tab. 5.2.3:

Erreger nosokomialer Ausbrüche (n=1.641) mit Darstellung der Anzahl der Ausbrüche, der Anzahl der Fälle in Ausbrüchen, der minimalen und maximalen Anzahl von Fällen je Ausbruch sowie der Anzahl Todesfälle, Deutschland, 2015

Erreger		Anzahl Ausbrüche	Anzahl Fälle	Minimum und Maximum der Anzahl Fälle je Ausbruch	Anzahl Todesfälle
Viren	Norovirus	1.161	10.929	2–82	29
	Rotavirus	83	628	2–61	1
	Influenzavirus	98	901	2–65	10
	Adenovirus	1	4	4	0
	Respiratorisches Synzytial-Virus	1	3	3	1
	sonstige	24	93	2–17	0
	gesamt	1.368	12.558	2–82	41
Bakterien	<i>Clostridium difficile</i>	47	299	2–30	33
	<i>Staphylococcus</i> spp.	25	93	2–10	4
	<i>Enterococcus</i> spp.	15	76	2–15	7
	<i>Klebsiella</i> spp.	14	156	2–41	2
	<i>Acinetobacter</i> spp.	8	56	2–32	27
	<i>Escherichia coli</i>	6	32	2–13	0
	<i>Pseudomonas</i> spp.	5	17	2–9	2
	<i>Enterobacter</i> spp.	5	41	4–17	0
	<i>Serratia</i> spp.	5	33	2–19	0
	<i>Salmonella</i> spp.	4	20	2–9	0
	<i>Mycobacterium-tuberculosis</i> -Komplex	3	6	2	0
	<i>Campylobacter</i> spp.	3	19	2–15	0
	<i>Bordetella pertussis</i>	2	6	3	0
	mehrere/andere bakterielle Erreger	1	4	4	1
	gesamt	143	858	2–41	76
Pilze	<i>Trichoderma longibrachiatum</i>	1	5	5	2
	gesamt	1	5	5	2
Parasiten	<i>Sarcoptes scabiei</i> (Skabies)	4	19	4–6	0
	<i>Pediculus humanus capitis</i> (Kopfläuse)	1	4	4	0
	gesamt	5	23	4–6	0
Mehrere Erreger	gesamt	1	3	3	0
Erreger unbekannt	gesamt	123	1.075	2–61	8

6 Spezielle Krankheiten

Das vorliegende Kapitel enthält zu jeder gemäß IfSG meldepflichtigen Krankheit ein infektionsepidemiologisches Profil. Dabei sind die Krankheiten in alphabetischer Reihenfolge und nicht nach Häufigkeit oder gesundheitspolitischer Bedeutung aufgeführt.

Weitere Krankheiten von besonderem infektionsepidemiologischen Interesse finden sich im Kapitel »Zusätzliche Krankheiten« am Ende (s. Kap. 6.57).

6.1 Adenovirus-Konjunktivitis

Kurzbeschreibung

Adenoviren verursachen beim Menschen eine Reihe von Krankheiten und lassen sich aus verschiedenen Materialien nachweisen. Die Meldepflicht gemäß IfSG beschränkt sich auf den Nachweis aus dem Konjunktivalabstrich des Auges. Damit wird die epidemische Keratokonjunktivitis, eine hoch ansteckende Augenentzündung, erfasst. Sie wird durch direkten Kontakt und Tröpfcheninfektion von Mensch zu Mensch übertragen, kann aber auch durch indirekten Kontakt, z. B. über verunreinigte Instrumente in Arztpraxen und Krankenhäusern, übertragen werden.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.1.1).

Zeitlicher Verlauf

Die Anzahl der übermittelten Erkrankungen gemäß Referenzdefinition hat sich im Jahr 2015 mit 567 Adenovirus-Konjunktividen im Vergleich zum Jahr 2014 nahezu halbiert, liegt jedoch noch über dem Durchschnitt der Jahre 2001 bis 2010 (s. Abb. 6.1.1). Die bundesweite Inzidenz von Adenovirus-Konjunktividen lag bei 0,7 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und damit deutlich unter den Inzidenzen der Vorjahre 2013 und 2014.

Geografische Verteilung

Erkrankungen wurden aus allen Bundesländern übermittelt. Die höchsten bundeslandspezifischen Inzidenzen waren in Hamburg (2,5), Mecklenburg-Vorpommern (1,9), Sachsen-Anhalt (1,6) und Rheinland-Pfalz (1,3) zu verzeichnen (s. Abb. 6.1.2). Im Vergleich zum Median der Jahre 2010 bis 2014 wurde in allen Bundesländern bis auf Bremen, Sachsen und Rheinland-Pfalz eine Abnahme der Inzidenzen beobachtet.

Aus 262 von 413 Land- und Stadtkreisen (63 %) wurden keine Fälle übermittelt. Bei 96 %

Tab. 6.1.1:
Übermittelte Fälle von Adenovirus-Konjunktivitis nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	130	10 %	53	8 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.037	83 %	514	78 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	26	2 %	8	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	50	4 %	82	12 %
alle	1.243	100 %	657	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.167	94 %	567	86 %

Abb. 6.1.1:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015

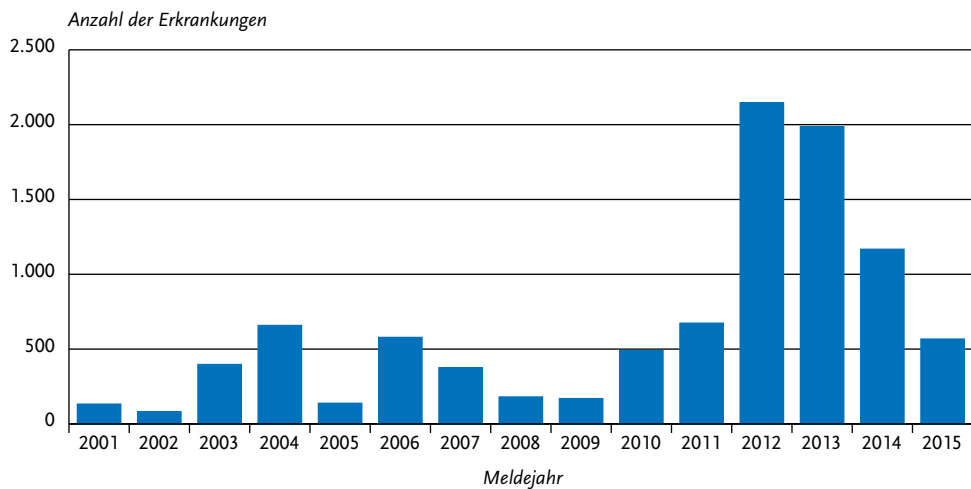
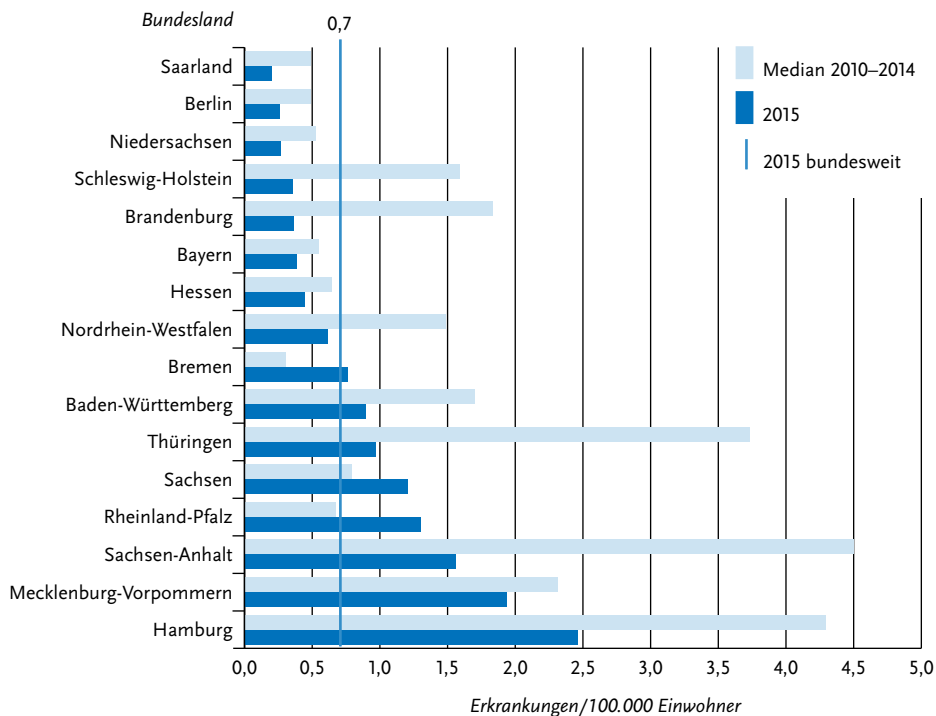


Abb. 6.1.2:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=567) im Vergleich mit den Vorjahren



der Erkrankungen mit Angaben zu einem möglichen Infektionsland wurde Deutschland genannt.

Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden für alle Altersgruppen übermittelt. Die höchsten Inzidenzen wurden in den Altersgruppen der Kinder bis 5 Jahre und der 25- bis 39-Jährigen berechnet (s. Abb. 6.1.3). Jungen und Männer waren häufiger betroffen als Mädchen und Frauen (324 vs. 241 Erkrankungen). Personen im Alter ab 60 Jahre erkrankten seltener als Personen anderer Altersgruppen.

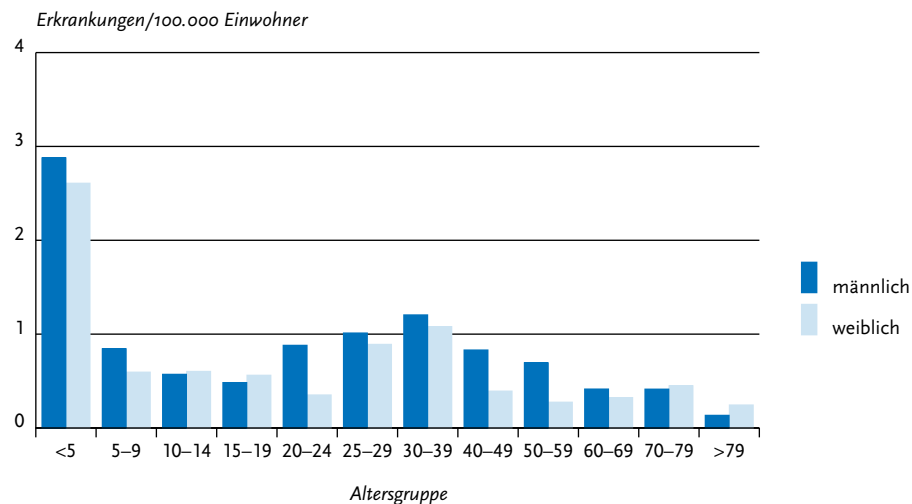
Ausbrüche

Es wurden insgesamt 5 Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen erfasst (s. Tab. 6.1.2). Im Rahmen dieser größeren Ausbrüche wurden insgesamt 38 Erkrankungen übermittelt, was eine deutliche Abnahme im Vergleich zum Vorjahr bedeutet (Vorjahr: 241). Die Anzahl übermittelter Ausbrüche mit weniger als 5 Fällen sowie die Gesamtzahl der in diesem Zusammenhang übermittelten Erkrankungen nahmen ebenso ab.

Datenqualität

Da die Diagnose von Augenärzten häufig rein klinisch gestellt wird und keine Laboruntersuchung

Abb. 6.1.3: Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=564)



Tab. 6.1.2: Übermittelte Ausbrüche von Adenovirus-Konjunktividen, Deutschland, 2014 und 2015

	2014		2015	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	27	59	15	35
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	10	241	5	38
Alle Ausbrüche	37	300	20	73

veranlasst wird, ist von einer deutlichen Untererfassung in der Surveillance von Adenovirus-Konjunktivitiden auszugehen. Auffällig ist, dass aus einer großen Zahl von Landkreisen – 262 von 413 Land- und Stadtkreisen (63%) – keine Fälle übermittelt wurden.

Fazit

Die Anzahl der gemeldeten und übermittelten Fälle ist deutlich zurückgegangen. Unklar bleibt, in welchem Umfang dies auf die Umsetzung wirksamer Hygienemaßnahmen oder auf einen Verzicht von labordiagnostischen Nachweisen zurückzuführen ist.

Bei Ausbrüchen sollte auf jeden Fall die Diagnose durch eine Laboruntersuchung von mindestens einem Fall abgesichert werden. Diese Untersuchungen können auch durch die zuständigen Gesundheitsämter veranlasst werden. So sind größere Ausbrüche über mehrere Land- oder Stadtkreise überhaupt erkennbar. In Ausbruchsfällen führt das Nationale Konsiliarlaboratorium für Adenoviren die Laboruntersuchung für den Anwender kostenfrei durch.

Literaturhinweise

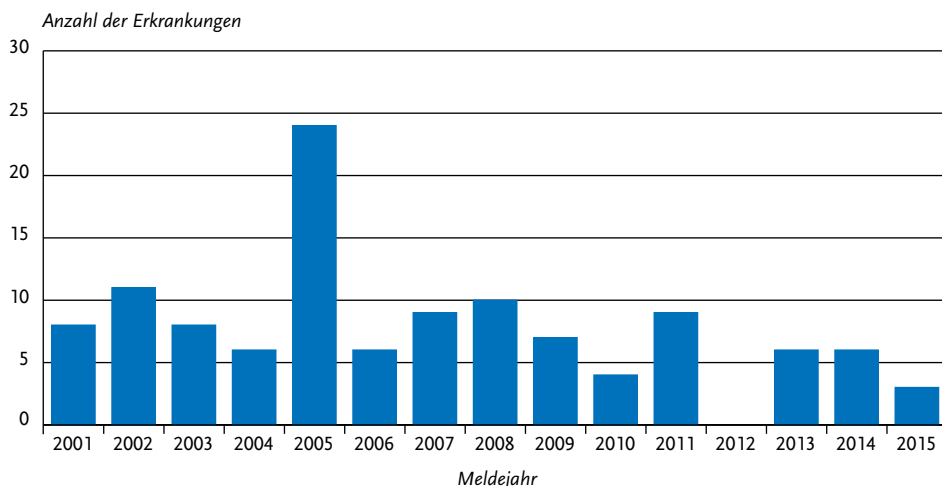
- Adhikary AK, Banik U: *Human adenovirus type 8: the major agent of epidemic keratoconjunctivitis (EKC)*. J Clin Virol 2014; 61:477–486.
- Espelage W, Eckmanns T: *Anstieg der gemeldeten Adenovirus-Keratokonjunktivitiden in Deutschland*. Z prakt Augenheilkd 2013; 34:417–423.
- Meyer-Rüsenberg B, Loderstädt U, Richard G, et al.: *Keratokonjunktivitis epidemica: Infektionslage und aktuelle Hinweise zu Prophylaxe und Therapie*. Dtsch Arztebl Int 2011; 108:475–480.

6.2 Botulismus

Kurzbeschreibung

Das typische Krankheitsbild des Botulismus ist eine schwere Lebensmittelvergiftung mit Lähmungserscheinungen, die durch das Nervengift des Bakteriums *Clostridium botulinum* (sehr selten auch *C. butyricum* oder *C. baratii*) verursacht wird. Der Erreger kann aber auch das spezielle Krankheitsbild des Säuglingsbotulismus hervorrufen oder in Wunden vorkommen (Wundbotulismus).

Abb. 6.2.1: Übermittelte Botulismus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015



Situation in Deutschland

Im Jahr 2015 wurden 3 Erkrankungen an Botulismus übermittelt, 3 weniger als in jedem der beiden Vorjahre (s. Abb. 6.2.1). Die Betroffenen waren zwischen 30 und 34 Jahre alt. In einem Fall steht die Erkrankung möglicherweise im Zusammenhang mit intravenösem Drogengebrauch. Für die beiden anderen Fälle wurde keine Infektionsquelle übermittelt. In allen drei Fällen handelte es sich um eine Infektion mit *Clostridium botulinum*. Bei zwei der Betroffenen wurde Neurotoxin B nachgewiesen, bei der dritten Person Neurotoxin A.

Literaturhinweis

RKI: *Wundbotulismus in Deutschland*. Epid Bull 2015; 14:114–115.

6.3 Brucellose

Kurzbeschreibung

Die Brucellose ist eine zoonotische Erkrankung, die ihren Namen von der Bakteriengattung *Brucella* hat. Die wichtigsten Erreger sind *B. abortus*,

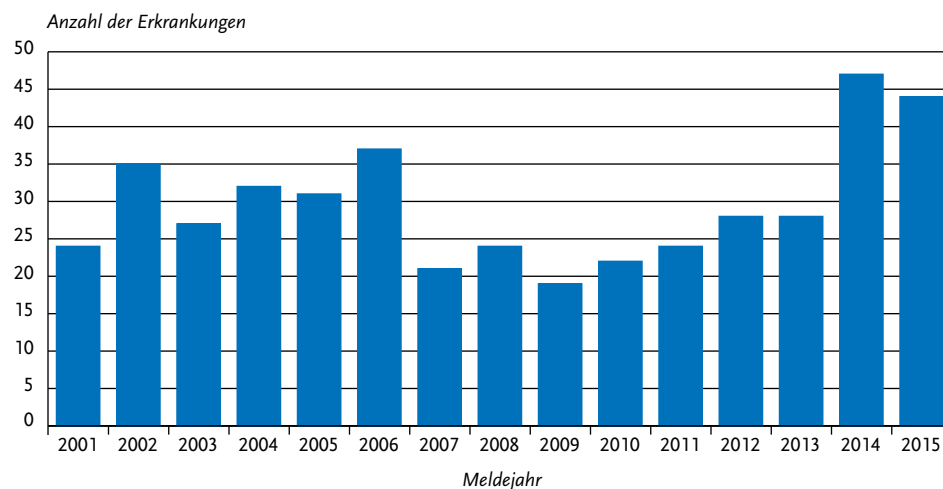
B. melitensis und *B. suis*. Die Brucellose kann nach Verzehr von kontaminierten Tierprodukten oder nach Kontakt mit infizierten Tieren auftreten. Nutzvieh (Rinder, Ziegen und Schafe) stellt das für den Menschen relevante Reservoir dar. Beim Menschen verläuft die Infektion in der Regel als akute, grippeähnliche Erkrankung, jedoch treten auch chronische Formen mit Befall von Leber, Lunge, Herz und weiteren inneren Organen auf. Chronische Verläufe werden vom Meldesystem nicht erfasst, da eine Meldepflicht nur für akute Infektionen besteht und die Falldefinition Fälle explizit ausschließt, bei denen Symptome bereits länger als 12 Monate bestehen.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2015 wurden 44 Brucellosen übermittelt. Damit waren in den Jahren 2014 und 2015 im Vergleich zu den Vorjahren die höchsten Fallzahlen zu verzeichnen (s. Abb. 6.3.1). Von Brucellose waren 28 männliche und 16 weibliche Personen verschiedener Altersgruppen betroffen.

Als Infektionsland wurde 12-mal Deutschland genannt. Ein Großteil der Erkrankungen (23) wurde jedoch wahrscheinlich im Ausland erworben: Hier wurden die Türkei (4), der Irak (3), Syrien (3), Iran (2) sowie 11 weitere Länder (je 1) genannt.

Abb. 6.3.1: Übermittelte Brucellose-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015



Eine Erregerdifferenzierung erfolgte nur für einen Teil der Erkrankungsfälle. Für 24 Fälle wurde *B. melitensis* angegeben, bei den anderen Fällen erfolgte keine weitere Differenzierung des Erregers. Unter den übermittelten Erkrankungen gab es keinen Sterbefall infolge einer Brucellose.

Es wurden 2 Ausbrüche mit jeweils 2 Erkrankungen übermittelt. Ein Ausbruch ist vermutlich auf den Verzehr von selbstgemachtem Schafskäse aus Italien zurückzuführen.

Literaturhinweis

RKI: *Reiseassoziierte Infektionskrankheiten 2013*. Epid Bull 2014; 42:407–415.

6.4 Campylobacter-Enteritis

Kurzbeschreibung

Bakterien der Gattung *Campylobacter* verursachen eine Darminfektion, die typischerweise mit Bauchschmerzen und wässrigem, gelegentlich blutigem Durchfall einhergeht. Die wichtigsten humanpathogenen Spezies sind *C. jejuni* und *C. coli*. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt vor allem über tierische Lebensmittel (Geflügel, Rohmilch) und Haustiere. Als seltene Komplikationen können das Guillain-Barré-Syndrom (eine mit Lähmungserscheinungen einhergehende Ner-

venerkrankung) sowie Gelenkentzündungen auftreten.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.4.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden insgesamt 70.190 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt, die der Referenzdefinition entsprachen. Mit 87 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner ist die Inzidenz annähernd so hoch wie im letzten Jahr. Die *Campylobacter*-Enteritis war nach der Norovirus-Gastroenteritis die am zweithäufigsten an das RKI übermittelte Durchfallerkrankung des Jahres 2015.

Wie in den Vorjahren zeigte das Infektionsgeschehen der *Campylobacter*-Enteritis einen saisonalen Verlauf mit den höchsten Fallzahlen in den Monaten Juni bis September. Auffällig ist ein jährlich wiederkehrender kurzzeitiger Anstieg der *Campylobacter*-Enteritis-Fallzahlen am Jahresanfang (2.–4. Meldewoche), der anscheinend nicht auf Nachmeldungen von den vorausgegangenen Feiertagen zurückzuführen ist, sondern auf eine relativ hohe Zahl von Erkrankungen mit Erkrankungsbeginn in den ersten Januartagen (s. Abb. 6.4.1).

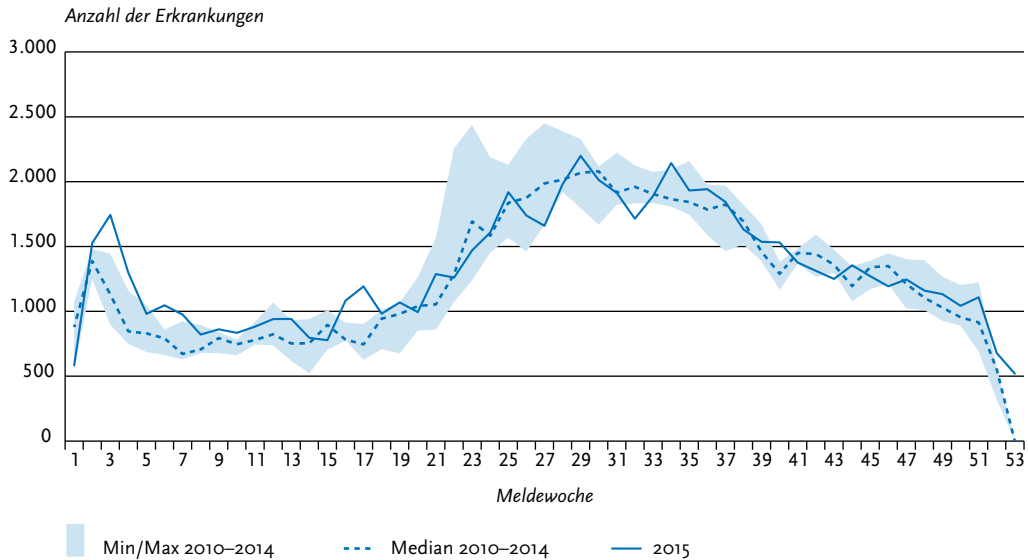
Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wurden in Sachsen (138 Erkr./100.000 Einw.), Mecklenburg-Vorpommern (124), im Saarland (113), in Nordrhein-Westfalen

Tab. 6.4.1: Übermittelte *Campylobacter*-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	442	1%	361	0%
klinisch-labor diagnostisch (C)	70.571	91%	69.829	91%
labor diagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.851	2%	1.118	1%
labor diagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	4.364	6%	5.825	8%
alle	77.228	100%	77.133	100%
Referenzdefinition (B+C)	71.013	92%	70.190	91%

Abb. 6.4.1:
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2015 (n=70.190) im Vergleich mit den Vorjahren



(105) und Hamburg (104) registriert. In elf Bundesländern lag die Inzidenz über dem jeweiligen Median der Jahre 2010 bis 2014, in den übrigen Bundesländern blieb sie darunter (s. Abb. 6.4.2).

Für 46.594 (66 %) der übermittelten Fälle wurden Angaben zum Infektionsland gemacht. Dabei entfielen 88 % der Nennungen (Mehrfachangaben möglich) auf Deutschland, 2 % auf Spanien und jeweils 1 % Italien und Frankreich. Die am häufigsten genannten außereuropäischen Infektionsländer waren die Türkei, Thailand, Indonesien und Marokko (jeweils 1 %).

Demografische Verteilung

Die Verteilung der altersspezifischen Inzidenz war 2-gipflig mit den höchsten Werten bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen. Bei den 1-jährigen Kindern lag die Inzidenz bei 154 Erkr./100.000 Einw. Ähnlich hoch war die Inzidenz bei den 20- bis 24-Jährigen (139) und den 25- bis 29-Jährigen (132). Jungen und Männer (93) waren häufiger betroffen als Mädchen und Frauen (81). Dies war für fast alle Altersgruppen zu beobachten; lediglich bei den 20- bis 29-Jährigen war die Inzidenz bei Frauen etwas höher als bei Männern (s. Abb. 6.4.3).

Nachgewiesene Erreger

Zu 47.675 (68 %) der *Campylobacter*-Enteritiden lagen genauere Angaben zur Spezies vor. Davon entfielen 72 % auf *C. jejuni*, 8 % auf *C. coli* und 20 % auf *C. coli/jejuni* (nicht differenziert). Auf die übrigen Spezies, z. B. *C. lari*, *C. fetus* und *C. upsaliensis*, entfielen jeweils weniger als 1 % der Angaben.

Klinische Aspekte

Für 60.696 Erkrankungen wurden Symptome angegeben. Als häufigstes Symptom wurde Durchfall genannt (59.979; 47 %), gefolgt von Bauchschmerzen (40.321; 31 %), Fieber (19.225; 15 %) und Erbrechen (9.065; 7 %). Im Jahr 2015 wurden 4 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt, bei denen die Betroffenen krankheitsbedingt verstorben waren. Hierbei handelte es sich um Männer im Alter zwischen 73 und 86 Jahren.

Ausbrüche

Es wurden insgesamt 465 Ausbrüche mit 1.235 Erkrankungen übermittelt; das waren 37 (7 %) Ausbrüche weniger als im Vorjahr. Der Anteil der Erkrankungen, die im Rahmen von Ausbrüchen auftraten, betrug 2 %. Es wurden 443 Ausbrüche

Abb. 6.4.2:
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=70.160) im Vergleich mit den Vorjahren

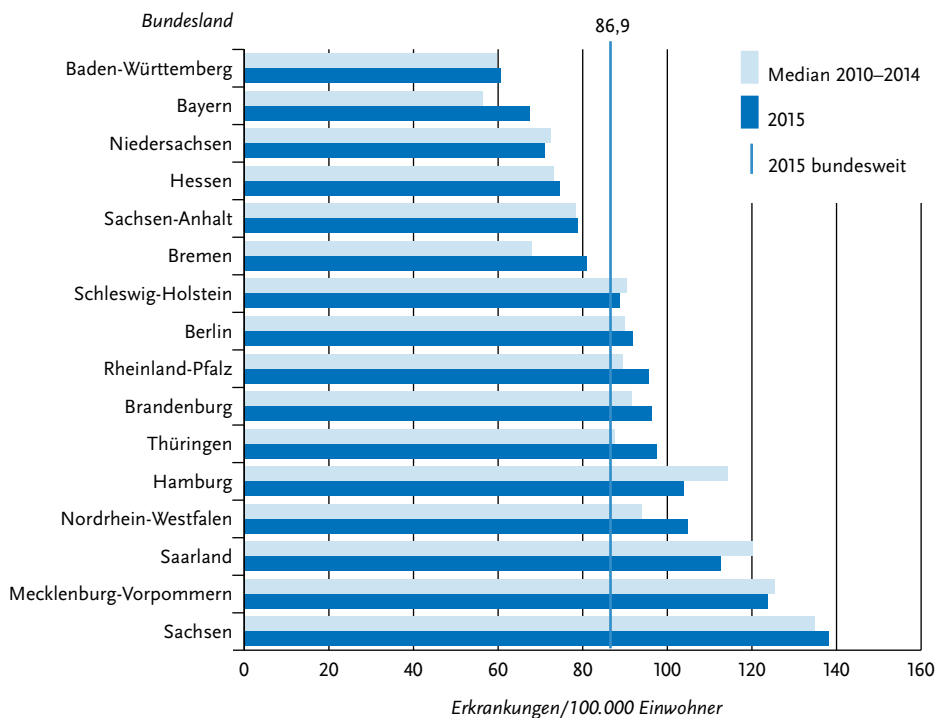
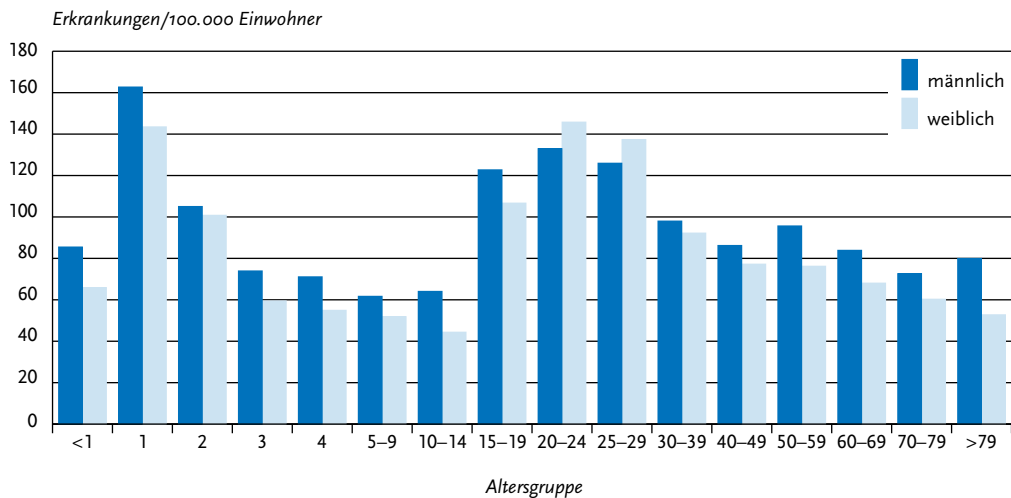


Abb. 6.4.3:
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=70.054)



mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 995 Erkrankungen) und 22 Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen (insgesamt 240 Erkrankungen) übermittelt. Der größte Ausbruch mit 31 Erkrankungen wurde aus Nordrhein-Westfalen übermittelt. Als Infektionsvehikel wurde Rohmilch verdächtigt. Ein *C. jejuni*-Ausbruch mit 26 Erkrankungen wurde aus Baden-Württemberg übermittelt. Der Ausbruch ereignete sich nach dem Besuch von Schulkindern auf einem Bauernhof, bei dem Rohmilch (und Käse) verzehrt wurde. Bei einem *Campylobacter*-Ausbruch mit 26 Erkrankungen, der aus Hessen übermittelt wurde, war ebenfalls Rohmilch (Vorzugsmilch) das verdächtige Infektionsvehikel. Auch ein *C. jejuni*-Ausbruch mit 23 Erkrankungen, der aus Niedersachsen übermittelt wurde, war auf den Verzehr von Rohmilch zurückzuführen.

Fazit

Im Gegensatz zu anderen bakteriellen lebensmittelbedingten Erkrankungen wie Salmonellosen oder Yersiniosen hat die Anzahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden seit 2001 von knapp 55.000 auf etwas mehr als 70.000 zugenommen. Der Anteil der *Campylobacter*-Enteritiden, die Ausbrüchen zugeordnet werden, ist vergleichsweise gering. Größere Ausbrüche werden immer wieder durch den Verzehr von Rohmilch verursacht.

Literaturhinweise

- Gözl G, Rosner B, Hofreuter D, et al.: *Relevance of Campylobacter to public health – the need for a One Health approach*. Int J Med Microbiol 2014; 304:817–823.
- Schielke A, Rosner B, Stark K: *Epidemiology of campylobacteriosis in Germany – insights from 10 years of surveillance*. BMC Infect Dis 2014; 14:1–8.
- Hauri AM, Just M, McFarland S, et al.: *Campylobacteriose-Ausbrüche in Hessen, 2005–2011 – und immer wieder Rohmilch*. Dtsch Med Wochenschr 2013; 138:357–361.

6.5 Cholera

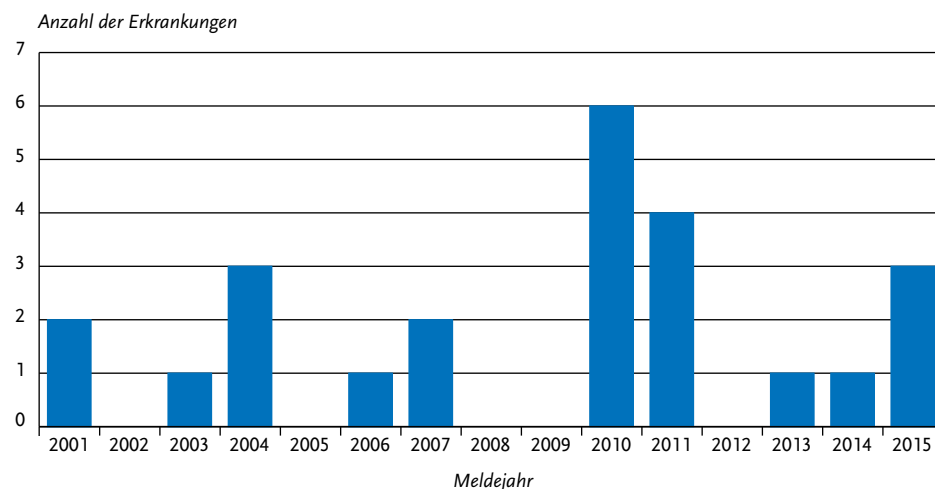
Kurzbeschreibung

Cholera wird durch das Bakterium *Vibrio cholerae* (typischerweise der Serogruppen O1 und O139) verursacht, das hauptsächlich über verunreinigte Nahrung oder verunreinigtes Wasser übertragen wird. Die schwere Durchfallerkrankung kann unbehandelt wegen des ausgeprägten Flüssigkeitsverlusts schnell lebensbedrohlich werden.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2015 wurden dem RKI 3 Erkrankungen an Cholera übermittelt (s. Abb. 6.5.1). In den beiden Vorjahren war es jeweils nur ein Fall. Die 3 Betrof-

Abb. 6.5.1: Übermittelte Cholera-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015



fenen waren zwischen 26 und 56 Jahre alt und nicht geimpft. In allen Fällen wurde die Infektion durch *Vibrio cholerae* Serogruppe O1 Serotyp Ogawa verursacht. Zwei der Erkrankten hatten die Infektion unabhängig voneinander auf einer Indienreise erworben. Für den dritten Fall wurden als Infektionsland die Philippinen angegeben.

Literaturhinweise

- Slesak G, Fleck R, Jacob D, et al.: *Imported cholera with acute renal failure after a short business-trip to the Philippines, Germany, October 2015*. Euro Surveill 2015. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21345
- RKI: *Reiseassoziierte Infektionskrankheiten 2013*. Epid Bull 2014; 42:407–415.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommision (STIKO) am Robert Koch-Institut / Stand: August 2015*. Epid Bull 2015; 34:327–362.

6.6 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)

Kurzbeschreibung

Die Creutzfeldt-Jakob-Krankheit gehört zur Gruppe der spongiformen Enzephalopathien, bei denen es zu schwammartigen Gehirnveränderungen mit rascher, erheblicher Beeinträchtigung kognitiver und motoneurologischer Funktionen kommt. Als Ursache werden falsch gefaltete infektiöse Proteine, sogenannte Prionen, angesehen.

Humane spongiforme Enzephalopathien können sporadisch auftreten, d.h. Ursache und Risikofaktoren der Erkrankung sind unbekannt, aber auch übertragen (z. B. iatrogene CJK, variante CJK, Kuru) oder vererbt werden. Die familiär-hereditären Formen der humanen spongiformen Enzephalopathien sind in Deutschland nicht meldepflichtig.

Die sporadische Form der CJK des Menschen tritt vorzugsweise im höheren Lebensalter (> 59 Jahre) auf und ist weltweit mit etwa 85 bis 90% aller Fälle die häufigste Form. Wesentlich seltener sind durch medizinische Behandlungen bedingte Übertragungen auf den Menschen. Mögliche Übertragungswege sind dabei Injektionen von menschlichem Wachstumshormon oder die Transplantation von menschlicher Hirnhaut oder Au-

genhornhaut, die von Verstorbenen mit einer unerkannten CJK gewonnen wurden.

Im Vergleich zur sporadischen CJK betrifft die Variante Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (vCJK) deutlich jüngere Menschen und verläuft insgesamt langsamer. vCJK ist vermutlich auf die Übertragung des Erregers der bei Rindern beobachteten Hirnerkrankung »Bovine Spongiforme Enzephalopathie« (BSE) auf den Menschen über die Nahrungskette zurückzuführen. Weiterhin gibt es Hinweise darauf, dass vCJK auch durch Bluttransfusionen übertragbar ist.

Alle spongiformen Enzephalopathien verlaufen tödlich. Es stehen derzeit weder eine spezifische Behandlung mit Aussicht auf Heilung noch eine Impfung zur Verfügung.

Falldefinition

Seit der Ausgabe 2015 der Falldefinitionen werden keine Einzelkriterien für das klinische Bild und den neuropathologischen Nachweis genannt, sondern die Bestätigung beruht auf der fachlichen Beurteilung durch das Nationale Referenzzentrum für die Surveillance Transmissibler Spongiformer Enzephalopathien.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden dem RKI 70 CJK-Fälle übermittelt (s. Tab. 6.6.1). Damit ist die Anzahl der übermittelten Fälle im Vergleich zum Vorjahr um 21 Fälle geringer. Nach einem ansteigenden Trend der Fallzahlen von 2005 bis 2011 sinken die übermittelten CJK-Fallzahlen seit dem Jahr 2012 (s. Abb. 6.6.1).

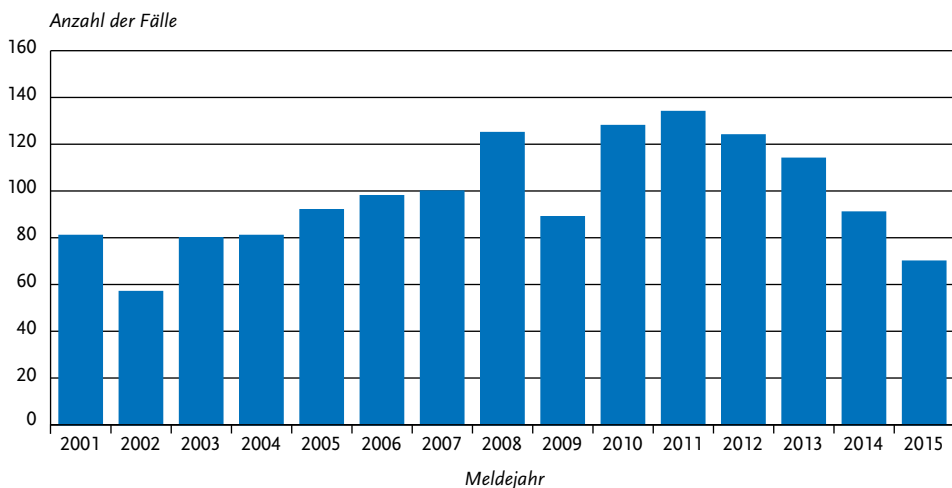
Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz entsprach mit 0,1 Fällen pro 100.000 Einwohner auch in diesem Jahr wieder dem weltweiten Erwartungswert für CJK. Aus den einzelnen Bundesländern wurden zwischen 0 (Bremen, Saarland) und 13 (Bayern) Erkrankungen übermittelt; die höchste Inzidenz errechnete sich 2015 mit 0,3 Fälle/100.000 Einw. für das Bundesland Thüringen. Diese unterschiedlichen Erkrankungshäufigkeiten spiegeln vermutlich keine realen Unterschiede zwischen den einzelnen Bundesländern wider, sondern können wegen der insgesamt geringen Häufigkeit von CJK zufällig entstanden sein. Es liegen wie in den Vorjahren keine Hinweise für regionale Häufungen vor.

Tab. 6.6.1:
Übermittelte CJK-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	54	59 %	46	66 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-neuropathologisch (C)	30	33 %	20	29 %
neuropathologisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	7	8 %	4	6 %
neuropathologisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	0	0 %	0	0 %
alle	91	100 %	70	100 %
Referenzdefinition (A+B+C+D+E)	91	100 %	70	100 %

Abb. 6.6.1:
Übermittelte CJK-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015



Demografische Verteilung

84 % der CJK-Fälle traten in der Altersgruppe der über 59-Jährigen auf. Männer und Frauen waren etwa gleich häufig betroffen (36 bzw. 34 Fälle).

Klinische Aspekte

Wie in den Vorjahren wurden auch 2015 keine Fälle von vCJK übermittelt.

Die meisten Fälle (87 %) wurden der sogenannten sporadischen Form der CJK zugeordnet; bei 8 Fällen fehlte die Information zur speziellen Diagnose.

41 der 70 Fälle wurden als verstorben übermittelt, wovon 5 »aufgrund anderer Ursache« und 35 »an der gemeldeten Krankheit« verstorben waren. Bei einem Fall wurde als Todesursache »unbekannt« angegeben.

Datenqualität

Im Jahr 2015 lag der Anteil neuropathologisch bestätigter Fälle mit 34 % aller CJK-Diagnosen etwas niedriger als im Vorjahr (41 %). Da die Durchführung der neuropathologischen Diagnostik einige Zeit in Anspruch nimmt, kann der Anteil für das Berichtsjahr noch ansteigen. Insgesamt werden zu wenige Fälle neuropathologisch untersucht. Ihr Anteil ist seit 2001 (51 %) mit einigen Schwankungen rückläufig. Dies ist auch deshalb problematisch, weil nur die neuropathologisch bestätigten Fälle der höchsten Evidenzkategorie der WHO zugeordnet werden, während rein klinisch diagnostizierte Fälle nur als »wahrscheinliche Fälle« eingestuft werden.

Fazit

Es wurde bis jetzt noch kein Fall von varianter CJK in Deutschland übermittelt. Die CJK-Fallzahlen erreichten im Jahr 2011 ihr bisheriges Maximum, in den folgenden Jahren sank die Anzahl der übermittelten CJK-Fälle. Das Jahr 2015 zeigt die geringste Anzahl an CJK-Fällen seit 2002. Die Inzidenz blieb auch 2015 mit 0,1 Fällen/100.000 Einw. wie in den Vorjahren im weltweiten Erwartungsrahmen.

Literaturhinweise

- Lee J, Hyeon JW, Kim SY, Hwang KJ, Ju YR, Ryou C: *Review: laboratory diagnosis and surveillance of Creutzfeldt-Jakob disease*. J Med Virol 2015; 87:175–186.
- Karch A, Raddatz LM, Ponto C, Hermann P, Summers D, Zerr I: *Diagnostic profiles of patients with late-onset Creutzfeldt-Jakob disease differ from those of younger Creutzfeldt-Jakob patients: a historical cohort study using data from the German National Reference Center*. J Neurol 2014; 261:877–883.
- Krasnianski A, Kaune J, Jung K, Kretzschmar HA, Zerr I: *First symptom and initial diagnosis in sporadic CJD patients in Germany*. J Neurol 2014; 261:1811–1817.
- Schelzke G, Kretzschmar HA, Zerr I: *Clinical aspects of common genetic Creutzfeldt-Jakob disease*. Eur J Epidemiol 2012; 27:147–149.
- RKI: *Creutzfeldt-Jakob-Erkrankung in den Jahren 2010 bis 2011*. Epid Bull 2013; 4:31–37.

6.7 Denguefieber

Kurzbeschreibung

Das Denguevirus, bei dem 4 Serotypen unterschieden werden, wird von vorwiegend tagaktiven Stechmücken in über 100 Ländern der Tropen und Subtropen übertragen. Es verursacht eine akute fieberhafte Erkrankung mit Kopf- und Gliederschmerzen und gelegentlich Hautausschlag. Die schweren, zum Teil tödlichen Verlaufsformen mit diffusen Blutungen (hämorrhagisches Denguefieber) und Kreislaufversagen (Dengue-Schocksyndrom) treten vermehrt bei erneuter Infektion mit einem anderen Serotyp und vor allem bei in Endemiegebieten lebenden Kindern auf.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.7.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden 722 Denguefieber-Erkrankungen übermittelt (2012: 616, 2013: 878, 2014: 626). Die Inzidenz betrug damit 0,9 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Fälle wurden das ganze Jahr hindurch, mit höheren Fallzahlen in den Quartalen II und IV, übermittelt (s. Abb. 6.7.1).

Geografische Verteilung

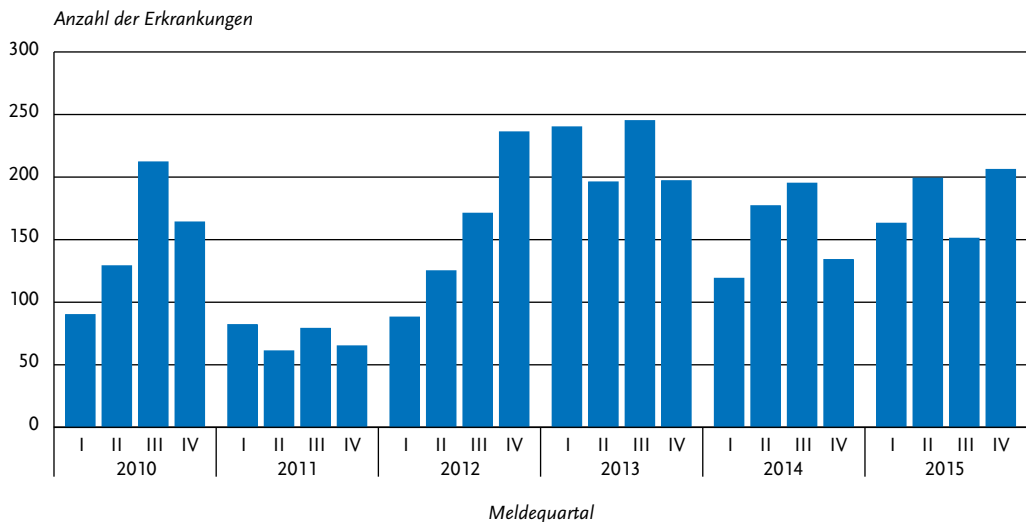
Die höchsten Inzidenzen dieser importierten Krankheit fanden sich wie in den Vorjahren in den Bundesländern Hamburg und Berlin (2,3 bzw. 1,8 Erkr./100.000 Einw.). Die Gründe dafür liegen wahrscheinlich in einer erhöhten Fernreisetätigkeit der Bevölkerung dieser Großstädte. Zudem gibt es in diesen Stadtstaaten über die ansässigen Tropeninstitute breiten Zugang zur Denguevirus-Diagnostik, sodass die mögliche Untererfassung dort eventuell niedriger ausfällt.

Zu 708 Erkrankungen lagen 737 Nennungen mutmaßlicher Infektionsländer vor. In Tab. 6.7.2 sind die 10 meistgenannten Infektionsländer aufgeführt. Wie schon in den Vorjahren wurde Thailand am häufigsten angegeben (29 % der Nennungen, Vorjahr: 33 %). Es folgen Indonesien (16 %), Brasilien (7 %) und Indien (6 %). Es fällt auf, dass im Frühjahr 2015 (Meldewoche 13 bis 18) überproportional viele Denguefieber-Erkrankungen aus Brasilien übermittelt wurden (da diese vielfach

Tab. 6.7.1:
Übermittelte Denguefieber-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	626	96 %	722	93 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	17	3 %	26	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	12	2 %	26	3 %
alle	655	100 %	774	100 %
Referenzdefinition (C)	626	96 %	722	93 %

Abb. 6.7.1:
Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2010 bis 2015



durch den NS1-Antigen-Test nachgewiesen wurden, handelt es sich vermutlich nicht um Antikörper-Kreuzreaktionen durch Zikavirus-Infektionen).

Die Verteilung der Infektionsländer nach Kontinenten ist ähnlich wie in den Vorjahren: Auf asiatische Länder entfielen 75 % der Nennungen (Vorjahr: 74 %), auf süd- und mittelamerikanische Länder 22 % (Vorjahr: 20 %), auf afrikanische Länder 2 % (Vorjahr: 4 %), auf Australien/Ozeanien 1 % (Vorjahr: 2 %). Für einen Fall kam ein Aufent-

halt in Europa als Infektionsort in Frage (<1 %; Vorjahr 4 Fälle, 1 %), jedoch auch ein Aufenthalt in Mittelamerika.

Demografische Verteilung

Die höchste Inzidenz wurde in der Altersgruppe der 20- bis 39-jährigen beobachtet. Die niedrige Inzidenz unter Kindern und Senioren spiegelt vermutlich die Altersverteilung bei Fernreisenden wider. Männer (53 %) waren etwas stärker betroffen als Frauen (s. Abb. 6.7.2).

Tab. 6.7.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Denguefieber-Erkrankungen, Deutschland, 2015 (Mehrfachnennungen möglich, 708 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Thailand	213	29 %
Indonesien	117	16 %
Brasilien	54	7 %
Indien	46	6 %
Kuba	25	3 %
Philippinen	25	3 %
Vietnam	22	3 %
Malaysia	22	3 %
Costa Rica	21	3 %
Kambodscha	18	2 %
Andere	174	24 %
Summe	737	100 %

Klinische Aspekte

2015 wurden 2 Erkrankungen übermittelt, die die Kriterien für einen hämorrhagischen Verlauf erfüllen. Es wurden keine Todesfälle übermittelt.

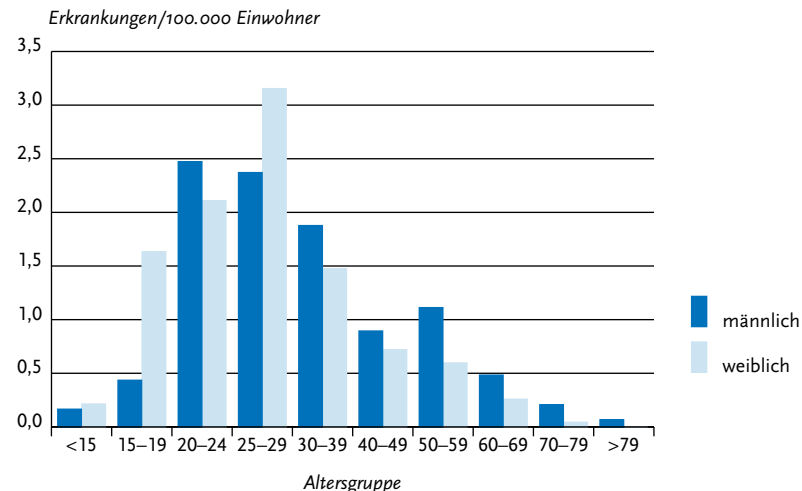
Datenqualität

Um die in einigen Laboren möglicherweise bestehenden Missverständnisse auszuräumen, wird weiterhin darauf hingewiesen, dass gemäß IfSG jeder Nachweis einer Infektion mit Dengueviren – unabhängig vom klinischen Bild und vom Schweregrad der Symptomatik – der Labormeldepflicht (§ 7 Abs. 1 IfSG) unterliegt. Unabhängig davon sind Krankheitsverdacht, Erkrankung und Tod durch ein virusbedingtes hämorrhagisches Fieber – auch Dengue hämorrhagisches Fieber – gemäß § 6 Abs. 1 IfSG zu melden. Da die Meldepflicht bewusst nur in Deutschland festgestellte Erkrankungen und Erregernachweise erfasst, werden die bereits im Reiseland durchgemachten und nur dort diagnostizierten Infektionen nicht berücksichtigt.

Fazit

Die Anzahl der Denguevirus-Infektionen, die jährlich durch Reisende nach Deutschland importiert werden, ist stark abhängig von der Schwankungen unterliegenden epidemiologischen Situation in den Infektionsländern sowie von Veränderungen in den Reiseströmen. In Bezug auf die jährlich hohen Fallzahlen nach Thailand-Aufenthalt ist zu beachten, dass es sich hierbei um ein stark frequentiertes Fernreiseziel handelt.

Abb. 6.7.2:
Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=720)



Literaturhinweise

- Frank C, Faber M, Hellenbrand W, Wilking H, Stark K: *Wichtige, durch Vektoren übertragene Infektionskrankheiten beim Menschen in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl-Gesundheitsforsch-Gesundheitsschutz 2014; 57:557–567.
- Wilder-Smith A, Quam M, Sessions O, et al.: *The 2012 dengue outbreak in Madeira: exploring the origins*. Euro Surveill 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20718
- Schmidt-Chanasit J, Emmerich P, Tappe D, et al.: *Autochthonous dengue virus infection in Japan imported into Germany, September 2013*. Euro Surveill 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20681
- Frank C, Höhle M, Stark K, Lawrence J: *More reasons to dread rain on vacation? Dengue fever in 42 German and United Kingdom Madeira tourists during autumn 2012*. Euro Surveill 2013. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20446
- RKI: *Reiseassoziierte Infektionskrankheiten 2013*. Epid Bull 2014; 42:407–415.

6.8 Diphtherie

Kurzbeschreibung

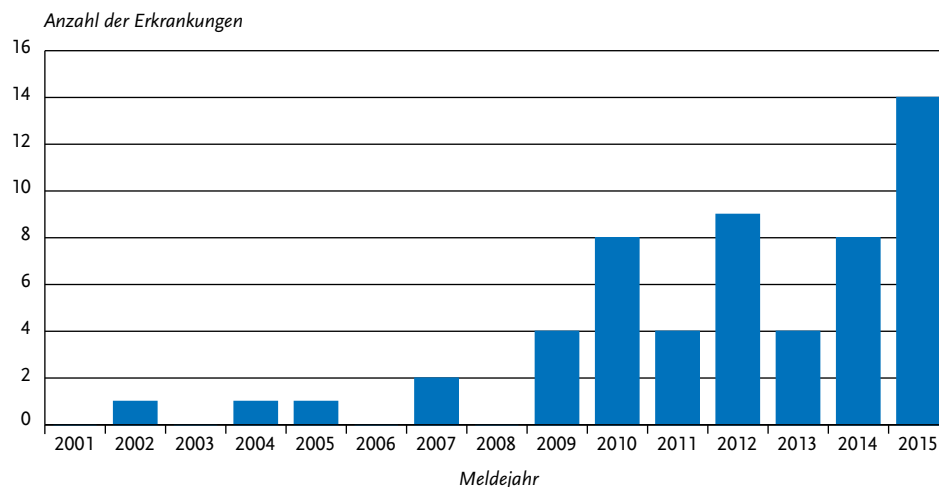
Das klinische Bild der Diphtherie kann das einer schweren Rachenentzündung annehmen, die durch toxinproduzierende Bakterien der Art *Corynebacterium diphtheriae* oder anderer Arten, z. B. *C. ulcerans*, hervorgerufen wird. Bei einer Hautdiphtherie werden toxinproduzierende Erreger in Wunden nachgewiesen. Die Erreger werden vorwiegend durch Tröpfchen übertragen. Die Diphtherie gehört zu den impfpräventablen Erkrankungen, wobei die Schutzwirkung gegen das *C.-ulcerans*-spezifische Toxin bisher nicht ausreichend nachgewiesen ist.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2015 wurden insgesamt 14 Erkrankungen an Diphtherie erfasst. Damit stiegen die Zahlen auf den höchsten Wert seit 2001 (s. Abb. 6.8.1). Erkrankungen wurden aus Bayern (6), Niedersachsen (2), Nordrhein-Westfalen, Baden-Württemberg, Berlin, Brandenburg, Rheinland-Pfalz und Thüringen (jeweils eine) übermittelt.

12 Fälle manifestierten sich als Hautdiphtherie, für 2 Fälle waren Symptome einer Rachendiphtherie angegeben. Bei 2 Fällen handelte es sich um

Abb. 6.8.1: Übermittelte Diphtherie-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015



Hautdiphtherie durch den Erreger *C. ulcerans*, bei 3 weiteren Nachweisen von *C. ulcerans* wurde keine Erkrankungsform angegeben. In 3 Fällen wurde als Infektionsort Deutschland, in einem Fall Polen, einmal wurde kein Infektionsort angegeben.

Ebenfalls 5-mal wurde *C. diphtheriae* nachgewiesen, was sich in 2 Fällen ebenfalls als Hautdiphtherie manifestierte. Eine Krankheitsform für die anderen 3 Nachweise wurde nicht übermittelt. Je eine der Infektionen erfolgte in Deutschland, Somalia und Syrien, in 2 Fällen lag keine Angabe des Infektionsortes vor.

Für die 4 Nachweise von *C. diphtheriae mitis* wurde keine Krankheitsform angegeben. Als Infektionsländer wurden Äthiopien, Eritrea, Libyen und Sri Lanka angegeben.

Die Erkrankungen betrafen 3 Frauen und 11 Männer im Alter von 17 bis 70 Jahren.

Hinsichtlich des Impfstatus zeigte sich folgendes Bild: 2 durch *C. ulcerans* Erkrankte waren geimpft, jedoch lag die Auffrischimpfung länger als 10 Jahre zurück bzw. war nicht zu ermitteln; 2 weitere waren ungeimpft. Von den durch *C. diphtheriae* Erkrankten waren 2 geimpft, wobei die Impfung in einem Fall erst nach der Erkrankung erfolgte. Von den durch *C. diphtheriae mitis* Erkrankten war einer geimpft (Datum der letzten Impfung unbekannt) und einer nicht geimpft. Für 6 Erkrankte war der Impfstatus nicht ermittelbar.

Es wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit Diphtherie übermittelt.

Literaturhinweise

- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland, 2014*. Epid Bull 2016; 16:129–134.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut / Stand: August 2015*. Epid Bull 2015; 34:327–362.

6.9 Echinokokkose

Kurzbeschreibung

In Europa kommen zwei Arten der Gattung *Echinococcus* vor. Der Hundebandwurm (*E. granulosus*) führt beim Menschen zur zystischen Echinokokkose und der Fuchsbandwurm (*E. multilocularis*) zur alveolären Echinokokkose. Der Mensch infiziert sich durch orale Aufnahme der Eier; die Larven setzen sich vor allem in der Leber, seltener auch in Lunge, Gehirn oder anderen Organen ab. Das klinische Bild ist sehr variabel und wird durch die Raumforderung der Zysten (bei *E. granulosus*) bzw. das infiltrative Wachstum (bei *E. multilocularis*) bestimmt. Symptome treten erst Monate oder Jahre nach der Infektion auf.

Fallkriterien

Die Echinokokkose wird gemäß § 7 Abs. 3 IfSG direkt an das RKI gemeldet. Um das aktuelle Infektionsgeschehen zu erfassen, wurden nur Meldungen in die Statistik aufgenommen, bei denen es sich um eine Erstdiagnose handelte bzw. deren frühere nichtgemeldete Erstdiagnose nicht länger als 24 Monate vor dem aktuellen Diagnosedatum lag. Ein weiteres Fallkriterium ist die Bestätigung durch histologische oder radiologische Verfahren bzw. durch eine Kombination radiologischer und serologischer Verfahren. Es wurden 77 Erkrankungsfälle (53 %) als zystische Echinokokkose und 44 (30 %) als alveoläre Echinokokkose eingeordnet. Nicht differenzierte Echinokokkosen wurden 24-mal (17 %) gemeldet (s. Tab. 6.9.1).

Zystische Echinokokkose

Die 77 Erkrankungsfälle an zystischer Echinokokkose wurden über das Jahr verteilt in allen Monaten und aus 12 Bundesländern gemeldet: aus Nordrhein-Westfalen 23 Fälle, aus Baden-Württemberg 14, aus Bayern 13, aus Hessen 7, aus Niedersachsen 6, aus Rheinland-Pfalz 5, aus dem Saarland 3, aus Berlin 2, und aus Hamburg, Sachsen, Schleswig-Holstein und Thüringen jeweils ein Fall. Aus der Angabe zum Bundesland, dem die Erkrankung aufgrund der angegebenen Postleitzahl zugeordnet wurde, kann jedoch nicht auf den tatsächlichen Infektionsort geschlossen werden. Bei 59 (77 %) der Meldungen wurden Angaben zum vermuteten

Tab. 6.9.1:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Echinokokkosen, Deutschland, 2015

Infektionsland	Zystische Echinokokkose	Alveoläre Echinokokkose	nicht differenzierte Echinokokkose	Gesamt
Deutschland	6	36	7	49
Türkei	8		3	11
Syrien	6	1	2	9
Mazedonien	6		1	7
Afghanistan	6			6
Bulgarien	5			5
Irak	4			4
Andere	13	2	3	18
mit Angabe zum Infektionsland	54	39	16	109
ohne Angabe zum Infektionsland	23	5	8	36
Summe	77	44	24	145

Infektionsland gemacht. Darunter entfielen 10 % auf Deutschland, 14 % auf die Türkei sowie jeweils 10 % auf Afghanistan, Mazedonien und Syrien, 8 % auf Bulgarien und 7 % auf den Irak.

An zystischer Echinokokkose erkrankten je 38 Personen männlichen und weiblichen Geschlechts; bei einem Fall fehlen die Angaben hierzu.

Über 88 % der Erkrankten waren mindestens 20 Jahre alt, allerdings erkrankten auch 6 Jungen und ein Mädchen im Alter von 15 bis 19 Jahren und ein Junge im Alter von unter 5 Jahren. Die Anzahl gemeldeter Fälle liegt seit 2003 in etwa der gleichen Größenordnung, mit Höchstwerten von 88 im Jahr 2005 bzw. 90 Fällen im Jahr 2011 (s. Abb. 6.9.1).

Alveoläre Echinokokkose

Insgesamt 44 Erkrankungsfälle wurden in die Statistik aufgenommen. Die Meldungen betrafen Patienten aus 11 Bundesländern: 15 aus Baden-Württemberg, 8 aus Bayern, 6 aus Hessen, je 4 aus Rheinland-Pfalz und dem Saarland, 2 aus Niedersachsen und jeweils ein Fall aus Berlin, Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen, Sachsen und Thüringen. Auch hier kann aus der Angabe zum Bundesland, dem die Erkrankung aufgrund der angegebenen Postleitzahl zugeordnet wurde,

nicht in jedem Fall auf den tatsächlichen Infektionsort geschlossen werden. Angaben zum Infektionsland lagen für 39 Fälle vor (89 %), darunter entfielen 36 (92 %) auf Deutschland (s. Tab. 6.9.1), je einmal wurden Bosnien-Herzegowina, Kasachstan und Syrien als Infektionsland angegeben. Zu den Erkrankten zählten 17 männliche und 27 weibliche Patienten. Außer in der Altersgruppe der Kinder unter 10 Jahren waren alle Altersgruppen betroffen. Insgesamt 32 Betroffene (73 %) waren mindestens 50 Jahre alt.

Im Vergleich zu den Vorjahren stiegen die Meldezahlen leicht an, auf einen neuen Höchstwert seit 2001 (s. Abb. 6.9.2).

Fälle von nicht differenzierter Echinokokkose

Für 24 Erkrankungsfälle lag keine Differenzierung vor: 8 aus Bayern, 6 aus Baden-Württemberg, 4 aus Nordrhein-Westfalen, 3 aus Hessen, 2 aus Thüringen sowie ein Fall aus Rheinland-Pfalz. Auch im Jahr 2015 wurde somit ein beträchtlicher Anteil der Echinokokkosen als nicht differenziert gemeldet (s. Abb. 6.9.3).

Angaben zum Infektionsland lagen für 17 Fälle (71 %) vor, darunter entfielen 7 (41 %) auf Deutschland, 3-mal wurde die Türkei, 2-mal Syrien und je einmal Iran, Mazedonien, Südafrika, Tansa-

Abb. 6.9.1:
Gemeldete zystische Echinokokkosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015

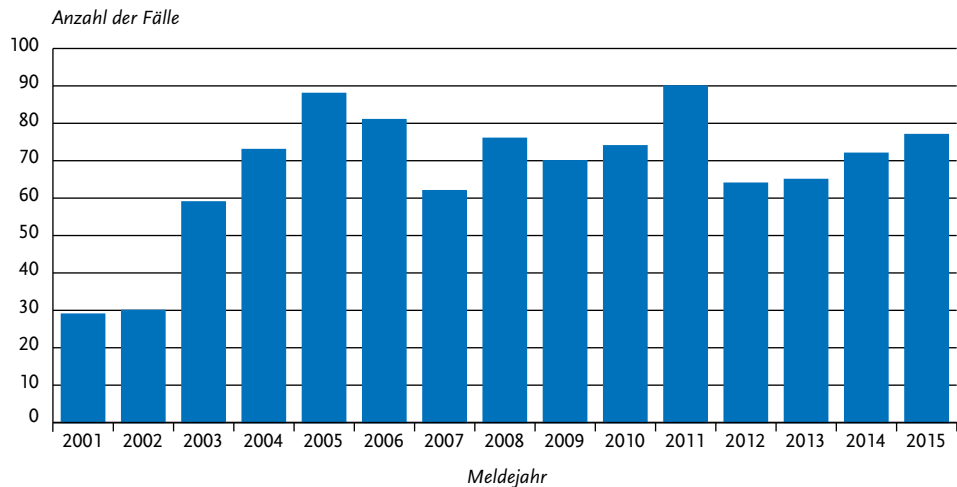
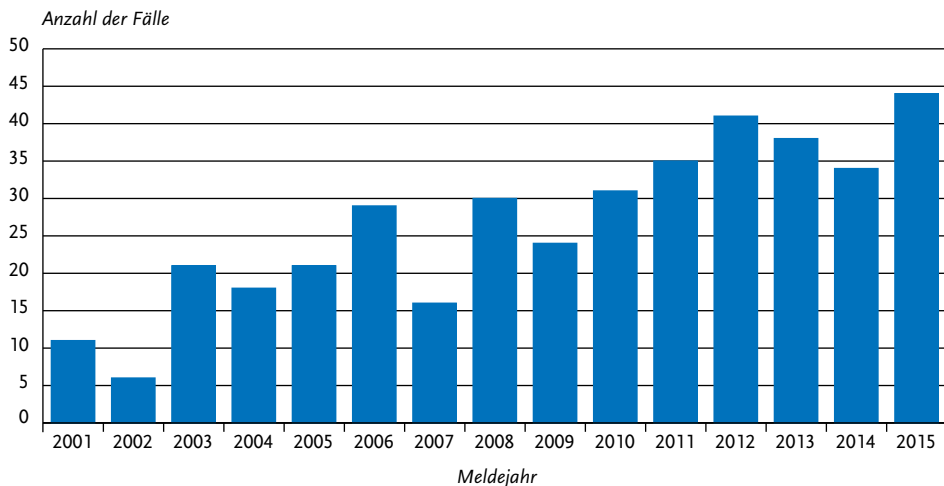


Abb. 6.9.2:
Gemeldete alveoläre Echinokokkosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015

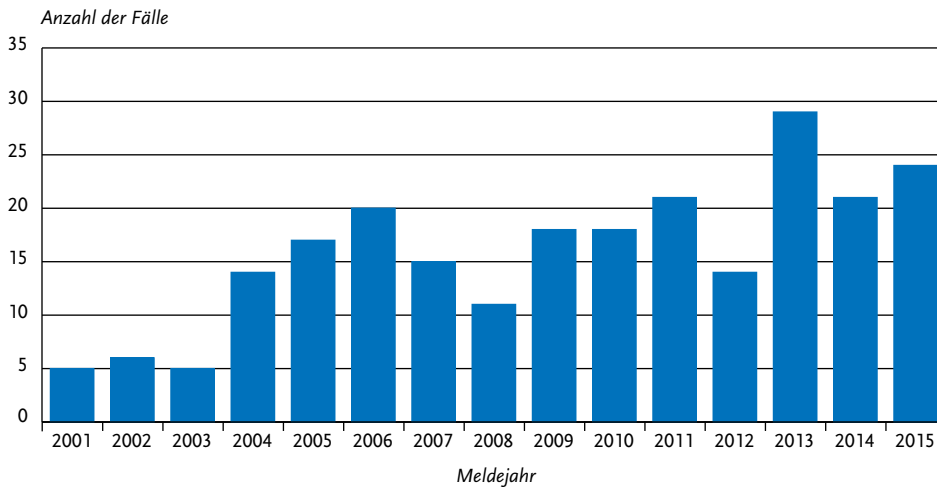


nia und Ausland als Infektionsland angegeben. Fünfzehn Erkrankte waren männlichen und 9 weiblichen Geschlechts. Bis auf zwei Jugendliche im Alter zwischen 15 und 19 Jahren waren alle betroffenen Personen mindestens 20 Jahre alt.

Datenqualität

Der deutliche Anstieg der erfassten Echinokokkosen ab 2003 ist vermutlich zum großen Teil auf den damals verbesserten Meldebogen zurückzuführen, der eine bessere Differenzierung zwischen

Abb. 6.9.3:
Gemeldete nicht differenzierte Echinokokkosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015



bereits bekannten und neu diagnostizierten Fällen ermöglicht. Dies führte besonders in den ersten Jahren nach Einführung des überarbeiteten Meldebogens zu einem starken Fallzahlenanstieg. Dessen ungeachtet zeichnet sich in den letzten Jahren ein weiter zunehmender Trend ab, dessen Ursache zurzeit unklar ist. Da die alveoläre Echinokokkose als endemische und die zystische Echinokokkose als vorrangig importierte Infektion unterschiedliche epidemiologische Implikationen haben, sollten Meldungen jeweils auch differenzierte diagnostische Angaben enthalten. In dieser Hinsicht ist der Anteil von nicht differenzierten Echinokokkosen bedauerlich.

Ob die Fälle von zystischer Echinokokkose, für die Deutschland als Infektionsland angegeben wurde, möglicherweise auch durch frühere Auslandsaufenthalte oder durch Kontakt mit aus dem Ausland importierten Haustieren bedingt waren, kann anhand der vorliegenden Daten nicht beurteilt werden.

Literaturhinweise

Brunetti E, Kern P, Vuitton DA: *Expert consensus for the diagnosis and treatment of cystic and alveolar echinococcosis in humans*. Acta Trop 2010; 114:1–16.

Richter J, Orhun A, Grüner B, et al.: *Autochthonous cystic echinococcosis in patients who grew up in Germany*. Euro Surveill 2009; www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=19229

Jorgensen P, an der Heiden M, Kern P, Schöneberg I, Krause G, Alpers K: *Underreporting of human alveolar echinococcosis, Germany*. Emerg Infect Dis 2008; 14:935–937.

Kern P, Ammon A, Kron M, et al.: *Risk factors for alveolar echinococcosis in humans*. Emerg Infect Dis 2004; 10:2088–2093.

6.10 EHEC-Erkrankung

Kurzbeschreibung

Einige Stämme des Darmbakteriums *Escherichia coli* bilden sogenannte Shigatoxine und können schwere blutige Durchfälle auslösen. Diese Stämme werden als enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC) bzw. als Shigatoxin-produzierende *E. coli* (STEC) oder Verotoxin-produzierende *E. coli* (VTEC) bezeichnet. Als lebensbedrohliche Komplikation kann das enteropathische hämolytisch-urämische Syndrom (HUS) auftreten, welches in Kap. 6.23 behandelt wird. Infektionen mit EHEC kommen weltweit vor, als Reservoir für die meisten EHEC-Stämme gelten Wiederkäuer, vor allem Rin-

der. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt fäkal-oral, wobei die Erregeraufnahme über den Kontakt mit Tierfäces, über kontaminierte Lebensmittel bzw. kontaminiertes Wasser erfolgt, aber auch durch direkten Kontakt von Mensch zu Mensch.

Falldefinition

Im Jahr 2015 wurde die Falldefinition für die Übermittlung von EHEC-Erkrankungen geändert. Zusätzlich zum Nachweis von Shigatoxin (z. B. ELISA) aus der *E.-coli*-Kultur aus Stuhl oder dem Nukleinsäurenachweis (z. B. PCR) eines Shigatoxin-Gens aus Stuhlanreicherungskultur, Stuhlmischkultur oder *E.-coli*-Kultur aus Stuhl, erfüllt seit 2015 bei Nachweis des O157-Antigens (z. B. mittels ELISA) der Nachweis von Shigatoxin (z. B. ELISA) aus Stuhlanreicherungskultur, Stuhlmischkultur oder *E.-coli*-Kultur aus Stuhl die Kriterien des labordiagnostischen Nachweises.

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.10.1). Durch die Änderung der Falldefinition wurden 4 Fälle eingeschlossen, die vor 2015 nicht gezählt worden wären (s. Tab. 6.10.2). Ausgeklammert sind alle Fälle von HUS.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden 1.604 EHEC-Fälle übermittelt, die der Referenzdefinition entsprachen (2014: 1.652; Median 2001 bis 2014: 1.140). 1.017 EHEC-Erkrankungen wurden nach der alten, 587 nach der neuen Falldefinition erfasst (Tab. 6.10.2). Wie in fast allen Vorjahren mit Ausnahme des großen EHEC/HUS-Ausbruchs im Jahr 2011, wurden die meisten Erkrankungen im III. Quartal registriert (s. Abb. 6.10.1).

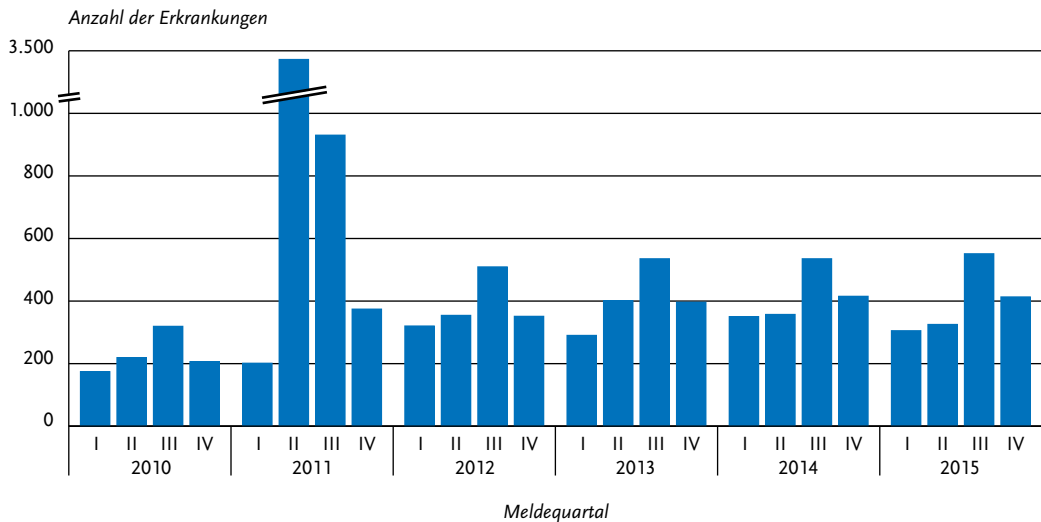
Tab. 6.10.1:
Übermittelte EHEC-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	40	2%	30	1%
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.612	74%	1.574	72%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	207	9%	254	12%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	331	15%	339	15%
alle	2.190	100%	2.197	100%
Referenzdefinition (B+C)	1.652	75%	1.604	73%

Tab. 6.10.2:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen (Referenzdefinition, n=1.604); Auswirkung der Falldefinitionsänderung, Deutschland, 2015

	Falldefinition vor 2015	Falldefinition 2015
	Anzahl	Anzahl
Referenzdefinition (B+C)	1.017	587
davon mit Angabe zum Labornachweis	796	576
davon auch gemäß der jeweils anderen Falldefinition laborbestätigt	796	572
davon nur durch in Falldefinition 2015 hinzugekommene Nachweise laborbestätigt	–	4

Abb. 6.10.1:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2010 bis 2015



Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz von 2,0 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner wurde in Sachsen (4,9), Mecklenburg-Vorpommern (3,9), Sachsen-Anhalt (3,7) und Rheinland-Pfalz (3,1) deutlich übertroffen. Einen rückläufigen Trend gegenüber dem Vorjahr wiesen Hamburg (1,9), Schleswig-Holstein (1,0) und Bremen (0,5) auf (Abb. 6.10.2).

Bei 987 Erkrankungen wurden 993 möglichen Infektionsländer genannt (Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 872-mal genannt (88%). Die meisten Nennungen eines Landes außerhalb Deutschlands entfielen auf die Türkei (33) sowie auf Ägypten (10), Italien (7) und Marokko (7).

Demografische Verteilung

Wie in den Vorjahren war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren mit 14 Erkr./100.000 Einw. 10-mal so hoch, wie in der übrigen Bevölkerung (1,4; siehe Abb. 6.10.3); 30% der übermittelten EHEC-Erkrankungen betrafen Kinder in dieser Altersgruppe. Auch im 4. Jahr nach dem großen EHEC/HUS-Ausbruch im Jahr 2011 war die Zahl übermittelter Erkrankungen bei erwachsenen Personen und somit auch die Inzidenz deutlich höher als in den

Jahren vor 2011. Im Jahr 2015 wurden 915 EHEC-Erkrankungen bei Erwachsenen übermittelt (2014: 913), mehr als doppelt so viele wie im Median der Jahre 2001 bis 2010 (392). Dagegen konnte für Kinder im Alter unter 5 Jahren keinerlei Veränderung festgestellt werden. Hier lag der Median der Inzidenz der Jahre 2001 bis 2010 bei 14.

Nachgewiesene Erreger

Für 261 Fälle (16%; 2014: 20%, 2013: 24%; 2012: 30%) wurden Angaben zur Serogruppe des Erregers gemacht. Die häufigste Angabe war O103 mit 15% der Nennungen, gefolgt von O157 und O91 (jeweils 13%) und Ont (nicht typisierbar) (12%) (s. Tab 6.10.3).

Klinische Aspekte

Für 1.585 Erkrankungen wurden Symptome angegeben ($n=2.854$). Am häufigsten wurde Durchfall genannt ($n=1.431$; 50%), gefolgt von Bauchschmerzen (845; 30%), Erbrechen (277; 10%) und Fieber (231; 8%). Es wurde 1 Todesfall auf Grund einer EHEC-Erkrankung übermittelt. Bei der verstorbenen Person handelt es sich um eine 96-jährige Frau. Eine Serogruppe wurde zu diesem Fall nicht übermittelt.

Abb. 6.10.2:

Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=1.604)

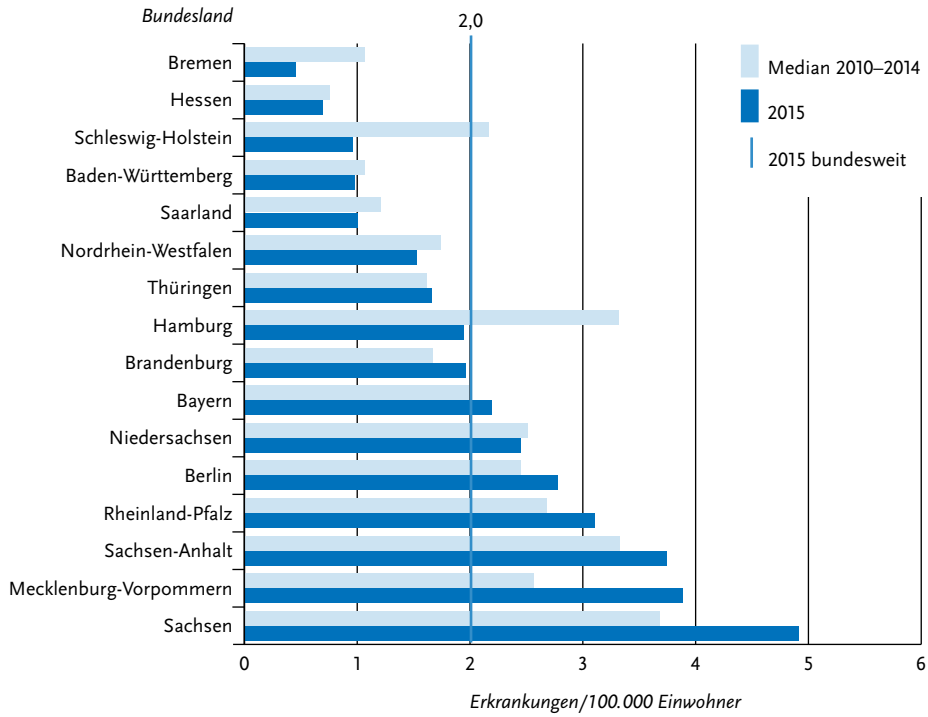
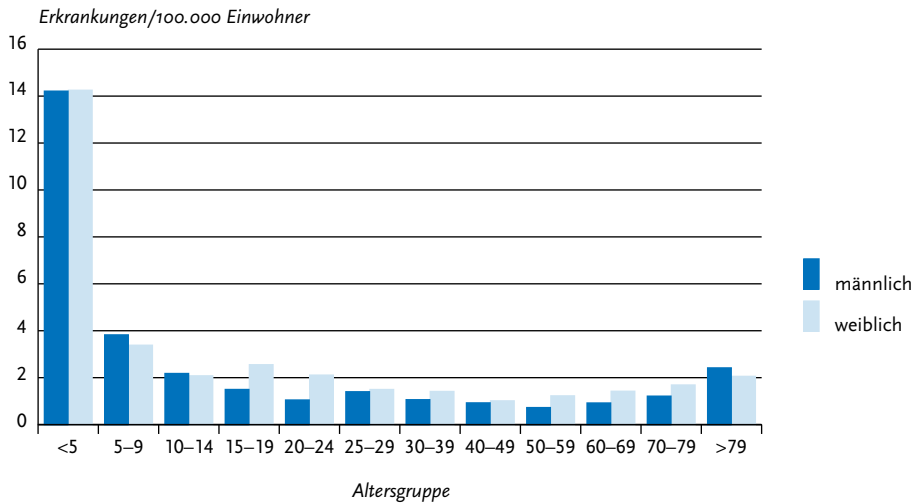


Abb. 6.10.3:

Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=1.602)



Tab. 6.10.3:
Am häufigsten genannte Serogruppen der übermittelten EHEC-Erkrankungen, Deutschland, 2015 (n=261)

Serogruppe	Anzahl	Anteil
O103	40	15 %
O157	35	13 %
O91	33	13 %
Ont (nicht typisierbar)	32	12 %
O26	17	7 %
O128	10	4 %
O145	8	3 %
O146	8	3 %
O76	5	2 %
Orau	4	2 %
O111	4	2 %
Andere	65	0 %
Summe	261	100 %

Ausbrüche

Es wurden 46 Ausbrüche durch EHEC (nur solche ohne HUS-Erkrankungen) mit insgesamt 126 EHEC-Erkrankungen übermittelt. Die meisten Ausbrüche betrafen 2 oder 3 Personen, ein Ausbruch umfasste 4 Personen. Die beiden größten Ausbrüche (17 bzw. 9 Fälle) ereigneten sich in mehreren Kindertagesstätten. Für einen Ausbruch (17 Fälle) war EHEC der Serogruppe O103 verursachend, im zweiten wurde keine Serogruppe ermittelt. Die Infektionsquelle war für beide großen Ausbrüche nicht bekannt. Die meisten kleinen Ausbrüche spielten sich im häuslichen Umfeld ab. Als zweithäufigster möglicher Infektionsort wurden Kindertagesstätten genannt.

Datenqualität

Die Häufigkeit der Diagnose von EHEC in Deutschland ist sehr von der Inanspruchnahme und Qualität labordiagnostischer Möglichkeiten abhängig. Die Diagnostik dieser Erreger ist schwierig und wird im Routinealltag meist nicht bis zur Anzucht eines Isolats oder bis zur Bestimmung der Serogruppe durchgeführt, die aber für die epidemiologische Beurteilung erforderlich ist, wie

auch der große EHEC/HUS-Ausbruch im Jahr 2011 noch einmal verdeutlicht hat. Da nur noch für ein Sechstel der übermittelten EHEC-Erkrankungen Informationen zur Serogruppe vorliegen und dieser Anteil von Jahr zu Jahr stetig abnimmt, haben Angaben zur Serogruppenverteilung auf Grundlage der Meldedaten gemäß IfSG nur eine sehr begrenzte Aussagekraft.

Fazit

Die Inzidenz übermittelter EHEC-Erkrankungen war 2015 nur geringfügig niedriger als im Vorjahr. Damit bewegen sich die Fallzahlen seit 2012 auf einem einigermaßen konstanten Niveau, das deutlich über dem der Jahre 2001 bis 2010 liegt. Der Anstieg war insbesondere auf eine Erhöhung der Anzahl übermittelter Erkrankungen bei Erwachsenen und wahrscheinlich auf eine weiterhin erhöhte diagnostische Aufmerksamkeit bei Erwachsenen in Folge des großen EHEC/HUS-Ausbruchs des Jahres 2011 zurückzuführen. Der Rückgang des Anteils der EHEC-Fälle, bei denen Informationen zur Serogruppe vorliegen, setzte sich 2015 weiter fort. Betrug dieser Anteil 2002 noch 48 %, waren es 2015 gerade noch 16 %. Die Angabe der Serogruppe ist eine notwendige Basisinformation zur Erkennung epidemiologischer Infektionszusammenhänge bei EHEC-Erkrankungen.

Literaturhinweise

- Frank C, Milde-Busch A, Werber D: *Results of surveillance for infections with shiga toxin-producing Escherichia coli (STEC) of serotype O104:H4 after the large outbreak in Germany, July to December 2011*. Euro Surveill 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20760
- Preußel K, Höhle M, Stark K, Werber D: *Shigatoxin-producing Escherichia coli O157 is more likely to lead to hospitalization and death than non-O157 serogroups – except O104*. PLoS One 2013; 8:e78180.
- Balabanova Y, Klar S, Delere Y, et al.: *Serological evidence of asymptomatic infections during Escherichia coli O104:H4 outbreak in Germany in 2011*. PLoS One 2013; 8:e73052.
- Werber D, Krause G, Frank C, et al.: *Outbreaks of virulent diarrhoeagenic Escherichia coli – are we in control?* BMC Med 2012. www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22300479
- Buchholz U, Bernard H, Werber D, et al.: *German outbreak of Escherichia coli O104:H4 associated with sprouts*. N Engl J Med 2011; 365:1763–1770.
- Frank C, Werber D, Cramer JP, et al.: *Epidemic Profile of Shiga-Toxin-Producing Escherichia coli O104:H4 Outbreak in Germany*. N Engl J Med 2011; 365:1771–1780.

Wadl M, Rieck T, Nachtnebel M, et al.: *Enhanced surveillance during a large outbreak of bloody diarrhoea and haemolytic uraemic syndrome caused by Shiga toxin/verotoxin-producing Escherichia coli in Germany, May to June 2011*. Euro Surveill 2011; www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=19893

RKI: *Evaluation des Surveillancesystems für sonstige darm-pathogene Escherichia coli*. Epid Bull 2013; 20:177–183.

6.11 Fleckfieber

Kurzbeschreibung

Fleckfieber ist eine akute fieberhafte Erkrankung mit Hautausschlag, die durch das Bakterium *Rickettsia prowazekii* verursacht wird. Es wird durch Läuse übertragen. Eine direkte Übertragung von Mensch zu Mensch findet nicht statt.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2015 wurden dem RKI – wie schon in den Vorjahren – weder Erkrankungen an Fleckfieber noch Nachweise von *R. prowazekii* übermittelt. In den Jahren 2001 und 2003 wurden zwei bzw. eine serologisch diagnostizierte Fleckfieber-Erkrankung aus Hessen übermittelt.

6.12 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)

Kurzbeschreibung

Die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) wird durch das FSME-Virus verursacht, das durch Zecken auf den Menschen übertragen wird – in Deutschland durch die Spezies *Ixodes ricinus*. Der typische Verlauf einer FSME-Erkrankung ist biphasisch und beginnt mit unspezifischen, grippeähnlichen Beschwerden (Inkubationszeit meist 7 bis 14 Tage). Nach einem kurzen Intervall von ca. 1 Woche folgen die spezifischen neurologischen Manifestationen der FSME (Meningitis, Enzephalitis, Myelitis).

Ein hoher Anteil der Infektionen verläuft jedoch asymptomatisch, oder die zweite Krankheitsphase bleibt aus, Schätzungen gehen von 70 bis 95 % aus. Die verfügbaren Totimpfstoffe bieten einen effektiven Schutz gegen FSME.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.12.1).

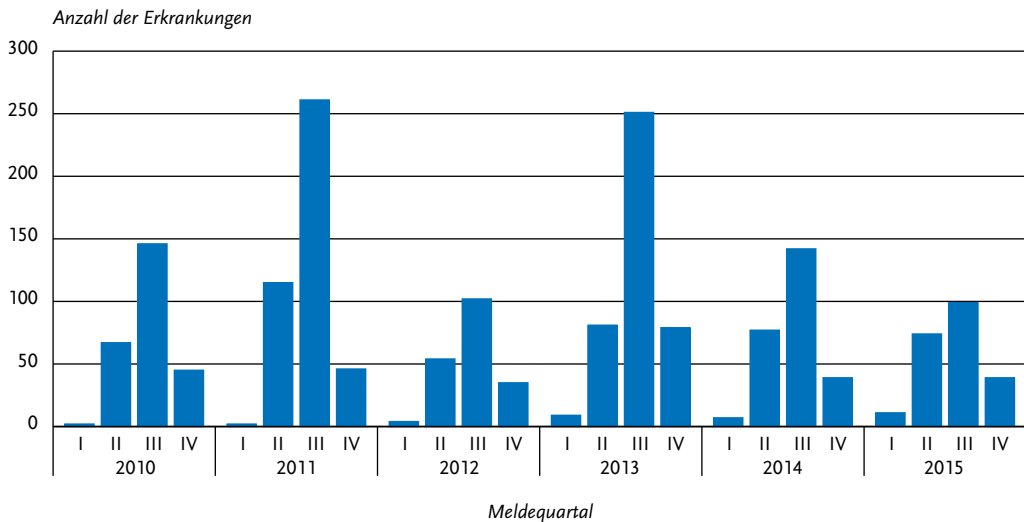
Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 erfüllten 223 der 231 übermittelten FSME-Fälle die Referenzdefinition. Im Vergleich zum Vorjahr hat die Fallzahl daher um 16 % abgenommen (s. Tab. 6.12.1). Entsprechend der Aktivität der übertragenden Zecken wurden die Erkrankungen wie in den Vorjahren hauptsächlich vom Frühjahr bis in den Spätherbst übermittelt; 173 der

Tab. 6.12.1: Übermittelte FSME-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	265	94 %	223	97 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	17	6 %	5	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1	0 %	3	1 %
alle	283	100 %	231	100 %
Referenzdefinition (C)	265	94 %	223	97 %

Abb. 6.12.1:
Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2010 bis 2015 (n=1.787)



223 übermittelten Erkrankungen (78%) traten im II. und III. Quartal auf (s. Abb. 6.12.1).

Geografische Verteilung

Wie in den Vorjahren lagen die Inzidenzen der übermittelten FSME-Erkrankungen in Baden-Württemberg und Bayern deutlich höher als in den anderen Bundesländern (s. Abb. 6.12.2). In diesen beiden Bundesländern liegen 125 der 145 im Jahr 2015 als Risikogebiete eingestufte Kreise. Einzelne Risikogebiete liegen auch in Hessen, Rheinland-Pfalz, dem Saarland, Thüringen und Sachsen. An dieser Stelle wird auf eine kartografische Darstellung der Verteilung verzichtet und stattdessen auf die jährlich im Epidemiologischen Bulletin veröffentlichte Karte der Risikogebiete für FSME verwiesen. Für diese Karte werden neben den Meldezahlen zusätzlich Angaben zum Infektionsort sowie Fallzahlen der vergangenen Jahre berücksichtigt.

Im Vergleich zum Median der Vorjahre 2010 bis 2014 nahm die Fallzahl vor allem in Baden-Württemberg (um 46%) ab; in allen anderen Bundesländern wich sie nur geringfügig von der der Vorjahre ab (s. Abb. 6.12.2).

Als Infektionsland wurde bei 196 Erkrankungen nur Deutschland genannt. Bei 6 Erkrankun-

gen wurde Österreich, bei 4 Erkrankungen Schweden, und bei einer Erkrankung Italien als einziges Infektionsland genannt. Bei einer Erkrankung wurden sowohl Deutschland als auch die Schweiz als mögliches Infektionsland angegeben. Für 15 Erkrankungen (7%) wurde kein Infektionsland angegeben.

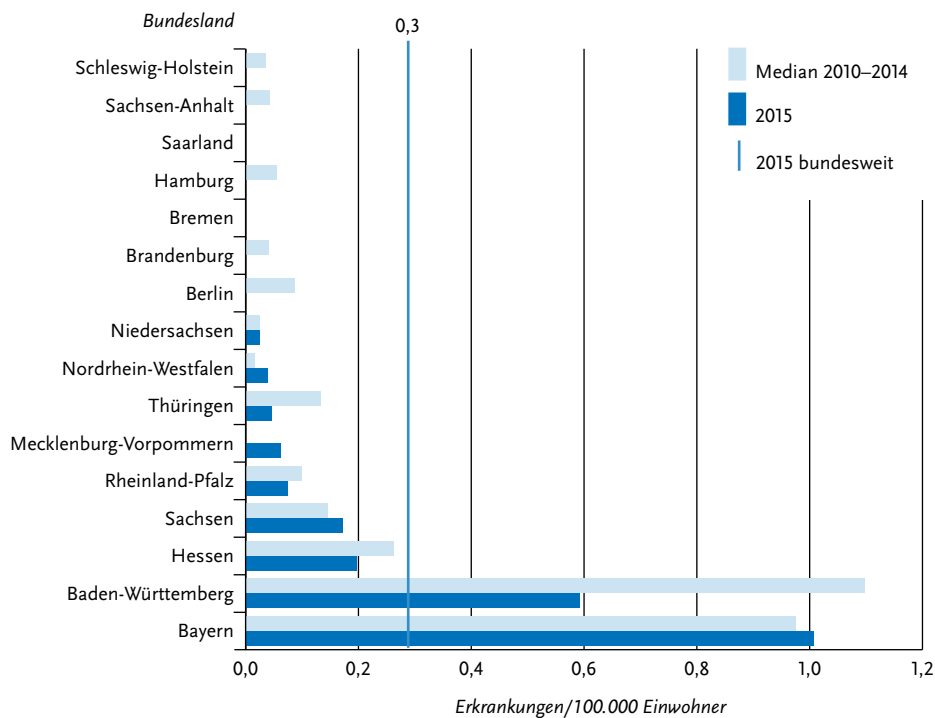
Demografische Verteilung

Die Inzidenz lag wie in den Vorjahren bei männlichen (0,3 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner) höher als bei weiblichen (0,2) Personen. Bei Personen im Alter unter 15 Jahren traten 7% der Erkrankungen auf. Die höchsten Inzidenzen wurden bei Männern in der Altersgruppe 50 bis 69 Jahre und bei Frauen in der Altersgruppe 40 bis 59 Jahre beobachtet (s. Abb. 6.12.3).

Klinische Aspekte

Zu allen 223 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum klinischen Bild vor: Bei 5 der 16 (31%; Vorjahr: 85%) erkrankten Kinder im Alter unter 15 Jahren wurde eine Beteiligung des Zentralnervensystems angegeben, 3 mit der Ausprägung einer alleinigen Meningitis und 2 mit einer Enzephalitis, einmal in Kombination mit einer

Abb. 6.12.2:
Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=223) im Vergleich mit den Vorjahren



Meningitis. Von den 207 erkrankten Personen älter als 14 Jahre hatten 107 (52 %; Vorjahr: 52 %) eine Beteiligung des ZNS; davon hatten 40 (19 %) eine Enzephalitis, 13-mal in Kombination mit einer Meningitis und einmal in Kombination mit Meningitis und Myelitis. Weitere 63 Fälle hatten eine isolierte Meningitis (30 %) und die verbleibenden 4 Fälle eine isolierte Myelitis (2 %). Es wurden keine Todesfälle übermittelt.

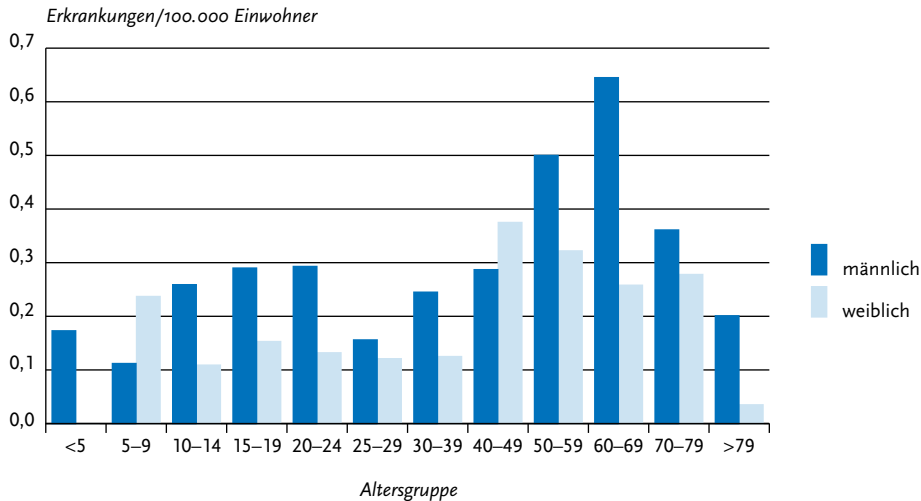
Impfstatus

Eine vollständige Grundimmunisierung zum Schutz vor einer FSME besteht aus insgesamt 3 Impfungen mit zeitlichen Abständen entsprechend den Impfschemata der Hersteller. Ein zeitlich begrenzter Schutz (ca. 5 bis 12 Monate) besteht für einen hohen Anteil der Impflinge bereits nach der 2. Impfdosis des aus 3 Impfdosen bestehenden

Standardimpfschemas für die Grundimmunisierung. Nach der Grundimmunisierung ist für beide Impfstoffe die erste Auffrischimpfung nach 3 Jahren empfohlen, danach Auffrischimpfungen in Abständen von 5 Jahren (Alter < 50 Jahre (Impfstoff Encepur®) bzw. Alter < 60 Jahre (Impfstoff FSME-Immun®)) bzw. 3 Jahren (Alter 50 Jahre oder älter (Impfstoff Encepur®) bzw. 60 Jahre oder älter (Impfstoff FSME-Immun®)). Die Impfung induziert nach 10 bis 14 Tagen protektive FSME-spezifische Antikörper.

Der Nachweis von IgM-Antikörpern zusammen mit länger anhaltenden IgG-Antikörpern wird gemäß Falldefinition als Bestätigung einer akuten Infektion gewertet. Nach einer Impfung können IgM-Antikörper jedoch bis zu 8 Monate persistieren. Findet die serologische Diagnose der Erkrankung daher in den Monaten nach einer

Abb. 6.12.3:
Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=223)



Impfung statt, kann eine Fehldiagnose nicht sicher ausgeschlossen werden. Zudem hat eine in Bayern durchgeführte Studie gezeigt, dass sich FSME-Diagnosen bei Personen mit vorausgegangenen Impfungen durch weitere Untersuchungen in einem spezialisierten Labor häufig nicht bestätigen lassen. Bei Auftreten einer Infektion trotz Impfung zeigt der Verlauf der FSME-spezifischen Antikörper ein charakteristisches Muster, das durch geeignete Diagnosemethoden untersucht werden kann. Eine FSME-Diagnose bei Personen mit FSME-Impfanamnese sollte daher immer mittels einer akuten und einer konvaleszenten Serumprobe durch ein spezialisiertes Labor bestätigt werden.

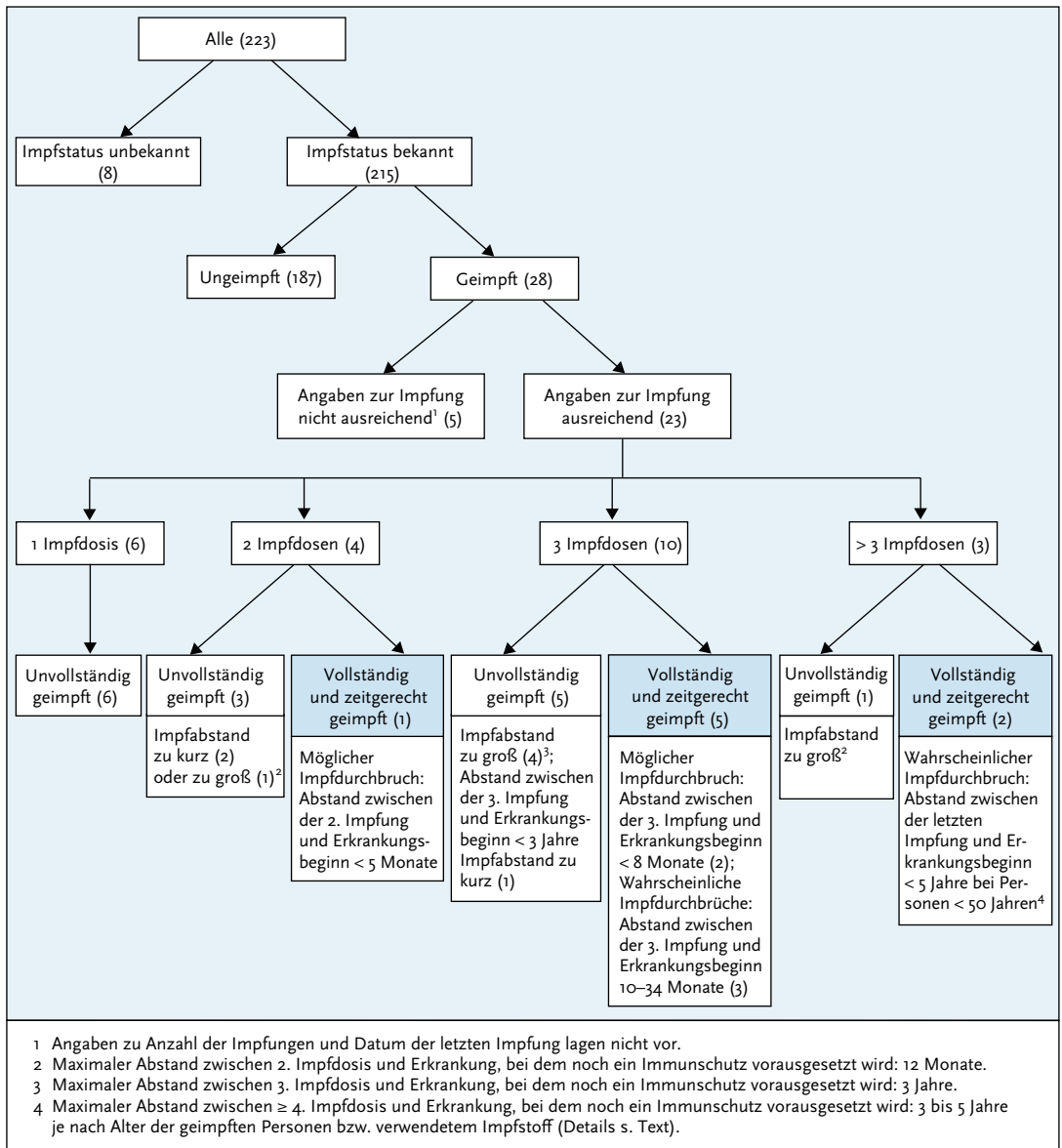
Von den 223 übermittelten FSME-Erkrankungen hatten 215 (96%) Angaben zum Impfstatus. Davon wurden 28 (13%) als geimpft und 187 (87%) als nicht geimpft übermittelt. Von den geimpften Fällen waren bei 23 (82%) die Angaben zur Anzahl der Impfungen und zum Datum der letzten Impfung vollständig, sodass der Immunschutz bewertet werden konnte.

Von diesen 23 geimpften Fällen wurden 15 (65%) als unzureichend geimpft eingestuft (6 Fälle mit einer Impfdosis, 3 Fälle mit 2 Impfdosen, 5 Fälle mit 3 Impfdosen und ein Fall mit 6 Impfdosen (s. Abb. 6.12.4)). Von diesen lag die Impfung

bei 4 Fällen < 6 Monate vor der Erkrankung, womit auch eine Fehldiagnose nicht sicher ausgeschlossen werden kann. Bei einem Fall mit 3 Impfungen erfolgte die 3. Impfung 5 Jahre nach der 2. Impfdosis und nach dem verursachenden Zeckenstich, 13 Tage vor der Erkrankung.

Von den geimpften Fällen wurden 8 als vollständig geimpft eingestuft. Ein Fall mit einer Meningitis, der sich in 2 bekannten Risikogebieten aufgehalten, aber keinen Zeckenstich bemerkt hatte, hatte die zweite Impfdosis 5,5 Monate vor der Erkrankung erhalten und wurde daher als möglicher Impfdurchbruch eingestuft. Von 5 Fällen, die 3 Impfdosen erhalten hatten, lag die letzte Impfdosis bei einem Fall ohne ZNS-Symptomatik weniger als 6 Monate zurück; dieser wurde daher als möglicher Impfdurchbruch eingestuft. Die anderen 4 Fälle hatten ihre 3. Impfdosis zwischen 11 und 34 Monaten vor der Erkrankung erhalten und wurden als wahrscheinliche Impfdurchbrüche eingestuft. Von diesen hatten 3 eine ZNS-Symptomatik; bei 3 wurde als Infektionsort ein bekanntes Risikogebiet angegeben, bei einem Fall ohne Angabe des Infektionsortes lag der Wohnort in einem Risikogebiet. Schließlich wurden noch 2 weitere Fälle mit 4 Impfdosen als wahrscheinliche Impfdurchbrüche eingestuft. Bei ihnen lag die letzte Impfdosis zwi-

Abb. 6.12.4:
Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2015 (n=223)



schen 4 und <5 Jahren zurück; für beide wurde mindestens ein bekanntes Risikogebiet als Infektionsort angegeben. Nur einer dieser Fälle hatte Symptome des Zentralnervensystems.

Datenqualität

Die Vollständigkeit der Angaben ist insgesamt hoch. Zur Beurteilung des Impfschutzes fehlen jedoch noch bei 18 % der als geimpft übermittelten

Fälle wichtige Angaben, wie z. B. das Impfdatum, die Anzahl der Impfungen oder der Erkrankungsbeginn, ohne die der Impfstatus nicht beurteilt werden kann. Ferner fehlt in 9 % der Fälle die Angabe des Infektionslandes; bei diesen fehlt auch ein eventuell in Deutschland liegender Infektionslandkreis, deren Angabe für die Erstellung der jährlichen Karte mit FSME-Risikogebieten unerlässlich ist.

Fazit

Die Anzahl übermittelter FSME-Erkrankungen hat im Vergleich zum Vorjahr abgenommen und unterliegt seit ihrer Erfassung stärkeren Schwankungen. Die Gründe sind vermutlich multifaktoriell: Klimatische und ökologische Faktoren beeinflussen sowohl die Zeckenaktivität und den Zeckenlebenszyklus als auch die Population der Wirtstiere. Das Freizeitverhalten der Menschen beeinflusst das Risiko, mit Zecken in Berührung zu kommen, und wird ebenfalls von der Wetterlage beeinflusst. Nicht zuletzt können die Erkrankungszahlen auch durch das Bewusstsein für die Krankheit sowie durch das diagnostische und Meldeverhalten der Ärzte beeinflusst werden.

Hervorzuheben bleibt noch, dass die Mehrzahl aller übermittelten FSME-Fälle ungeimpft oder unvollständig geimpft war und mit hoher Wahrscheinlichkeit durch einen zeitgerechten vollständigen Impfschutz hätte vermieden werden können.

Literaturhinweise

- Frank C, Faber M, Hellenbrand W, Wilking H, Stark K: *Wichtige, durch Vektoren übertragene Infektionskrankheiten beim Menschen in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl-Gesundheitsforsch-Gesundheitsschutz 2014; 57:557–567.
- Ruzek D, Dobler G, Donoso Mantke O: *Tick-borne encephalitis: pathogenesis and clinical implications*. Travel Med Infect Dis 2010; 8:223–232.
- Stiasny K, Holzmann H, Heinz FX: *Characteristics of antibody responses in tick-borne encephalitis vaccination breakthroughs*. Vaccine 2009; 27:7021–7026.
- Lindquist L, Vapalahti O: *Tick-borne encephalitis*. Lancet 2008; 371:1861–1871.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommision (STIKO) am Robert Koch-Institut / Stand: August 2015*. Epid Bull 2015; 34:327–362.
- RKI: *FSME: Risikogebiete in Deutschland (Stand: Mai 2016)*. Epid Bull 2015; 18:151–162.

RKI: *Aktuelle Karte der FSME-Risikogebiete in Deutschland*. Epid Bull 2016; 18:158–159.

RKI: *Ergebnisse der bayerischen FSME-Studie 2007: Hohe diagnostische Sicherheit bei gemeldeten Fällen, aber zusätzliche Untersuchungen notwendig bei Patienten mit früherer FSME-Impfung*. Epid Bull 2011; 17:142–145.

6.13 Giardiasis

Kurzbeschreibung

Die Infektion mit dem weltweit verbreiteten Dünndarmparasiten *Giardia lamblia* kann unauffällig verlaufen, aber auch zu lang andauernden und über Jahre wiederkehrenden Durchfällen und Oberbauchbeschwerden mit Gewichtsabnahme sowie ausgeprägtem Meteorismus führen. Der Parasit wird fäkal-oral durch direkten Kontakt, Nahrungsmittel oder Trinkwasser übertragen.

Falldefinition

Die Falldefinition für Giardiasis wurde 2015 angepasst. Beim labordiagnostischen Nachweis wurde der Nukleinsäurenachweis (z. B. PCR) hinzugefügt. Zu 1.157 Erkrankungen, die gemäß Falldefinitionen 2015 übermittelt wurden, lagen Angaben zum Labornachweis vor (s. Tab 6.13.2). Darunter waren 107 Erkrankungen, die vor 2015 die Falldefinition nicht erfüllt hätten, da sie nur durch den neu hinzugekommenen Nukleinsäurenachweis labordiagnostisch bestätigt wurden. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.13.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden 3.602 Erkrankungen an Giardiasis übermittelt, 419 (10 %) weniger als im Vorjahr. Entsprechend sank die Gesamtinzidenz gegenüber dem Vorjahr auf 4,5 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

Geografische Verteilung

Nach Bundesländern variierten die Inzidenzen zwischen 2,0 Erkr./100.000 Einw. in Niedersachsen und 10,8 in Berlin (s. Abb. 6.13.1). Über dem Niveau der bundesweiten Inzidenz von 4,5 lagen außer Berlin auch Hamburg (7,8), Sachsen (7,5), Mecklenburg-Vorpommern (6,3), Thüringen (5,5) und Bayern (5,4).

Tab. 6.13.1:
Übermittelte Giardiasis-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	8	0%	19	0%
klinisch-labor diagnostisch (C)	4.013	67%	3.583	51%
labor diagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	972	16%	1.173	17%
labor diagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	975	16%	2.186	31%
alle	5.968	100%	6.961	100%
Referenzdefinition (B+C)	4.021	67%	3.602	52%

Tab. 6.13.2:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen (Referenzdefinition, n=3.602); Auswirkung der Falldefinitionsänderung, Deutschland, 2015

	Faldefinition vor 2015	Faldefinition 2015
	Anzahl	Anzahl
Referenzdefinition (B+C)	2.439	1.163
davon mit Angabe zum Labornachweis	2.337	1.157
davon auch gemäß der jeweils anderen Falldefinition laborbestätigt	2.337	1.050
davon nur durch in Falldefinition 2015 hinzugekommene Nachweise laborbestätigt	-	107

Bei 2.485 Erkrankungen (69%) lagen Angaben zum Infektionsland vor. Von 2.565 Nennungen (Mehrfachnennungen möglich) betrafen 50% Deutschland (2014: 56%), 12% Indien und jeweils 3% die Türkei und Thailand (s. Tab. 6.13.3).

Demografische Verteilung

Wie in den Vorjahren zeigt die Altersverteilung, dass die höchsten altersspezifischen Inzidenzen mit 9,1 bzw. 8,8 Erkr./100.000 Einw. bei den 1- bis 2-jährigen Kindern auftraten (s. Abb. 6.13.2). Ein zweiter Inzidenzgipfel war in den Altersgruppen von 20 bis 29 Jahren zu verzeichnen. Männliche Personen erkrankten insgesamt häufiger (5,3) als weibliche (3,7); besonders stark war der Unterschied bei Erwachsenen im Alter von 40 bis 59 Jahren.

Ausbrüche

Es wurden 56 (2014: 51) Ausbrüche übermittelt. Die Gesamtzahl der in Ausbrüchen übermittelten Giardiasis-Erkrankungen betrug 153 (2014: 129). Es kam zu 3 Ausbrüchen, die 5 oder mehr Fälle einschlossen. Ein Ausbruch umfasste 13 Erkrankungen im Landkreis Teltow-Fläming, die im Rahmen eines Schulaustauschprojektes in Indien erworben wurden. Zwei weitere Ausbrüche umfassten je 5 Erkrankungen, einer in einem privaten Haushalt und ein weiterer in einer Unterkunft für Asylsuchende.

Datenqualität

Seit Einführung des IfSG ist bei allen labor diagnostisch bestätigten Erkrankungen der Anteil der Fälle, die ausschließlich durch Mikroskopie diagnostiziert wurden, von 37% im Jahr 2001 auf 21% im Jahr 2015 zu Gunsten der alleinigen Anwendung von sensitiveren Antigentests (64%; 2001:

Abb. 6.13.1:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=3.600) im Vergleich mit den Vorjahren

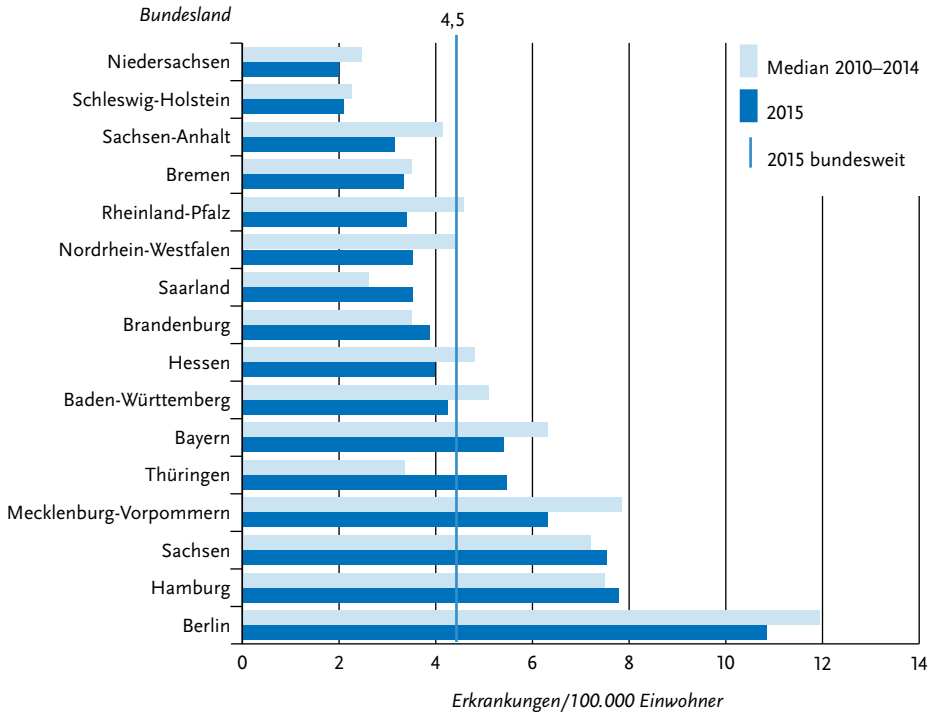
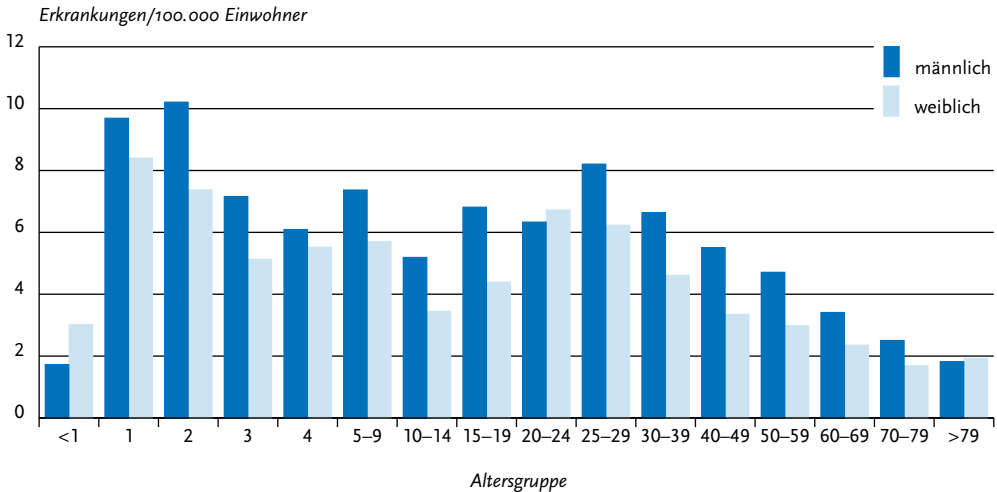


Abb. 6.13.2:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=3.593)



Tab. 6.13-3:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen nach Infektionsland, Deutschland, 2015 (Mehrfachnennungen möglich, 2.485 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	1.274	50%
Indien	301	12%
Türkei	73	3%
Thailand	65	3%
Spanien	36	1%
Afghanistan	35	1%
Italien	35	1%
Kolumbien	27	1%
Tansania	27	1%
Ägypten	25	1%
Andere	667	26%
Summe	2.565	100%

54 %) zurückgegangen. Eine Laborbestätigung durch beide Verfahren wurde für 11 % (2001: 9 %) übermittelt. Mit der Anpassung der Falldefinition 2015 werden nun auch Erkrankungen übermittelt, die mittels der sensitiveren Nachweismethode PCR diagnostiziert wurden. Deren Anteil lag bei 3,4 % (alleiniger Nachweis: 3,0 %, Kombination mit einer der beiden anderen Methoden: je 0,2 %). Es ist zu erwarten, dass dieser Anteil in den kommenden Jahren zunehmen wird, da im Jahr 2015 erst ein Drittel der Giardiasis-Erkrankungen gemäß der neuen Falldefinition erfasst und übermittelt wurden.

Literaturhinweise

- Heudorf U, Karathana M, Krackhardt B, et al.: *Surveillance von 2015 in Deutschland angekommenen, unbegleiteten minderjährigen Asylsuchenden auf Parasiten*. GMS Hyg Infect Control 2016; 11:DOI:10.3205/dgkh000265
- Helmy YA, Klotz C, Wilking H, et al.: *Epidemiology of Giardia duodenalis infection in ruminant livestock and children in the Ismailia province of Egypt: insights by genetic characterization*. Parasit Vectors 2014; 7:321.
- Gallas-Lindemann C, Sotiriadou I, Plutzer J, Karanis P: *Prevalence and distribution of Cryptosporidium and*

Giardia in wastewater and the surface, drinking and ground waters in the Lower Rhine, Germany. Epidemiol Infect 2013; 141:9–21.

Espelage W, an der Heiden M, Stark K, Alpers K: *Characteristics and risk factors for symptomatic Giardia lamblia infections in Germany*. BMC Public Health 2010; 10:41.

6.14 Haemophilus influenzae, invasive Erkrankung

Kurzbeschreibung

Bakterien der Spezies *Haemophilus influenzae* verursachen insbesondere invasive Erkrankungen wie Entzündungen der Hirnhaut, des Kehlkopfdeckels, des Knochen- und Muskelgewebes sowie Blutvergiftungen. Die Übertragung erfolgt durch Tröpfchen oder direkten Kontakt. Gegen den Kapseltyp b wird in Deutschland seit 1990 eine Schutzimpfung im Säuglings- und Kleinkindalter empfohlen.

Falldefinition

Im Rahmen des IfSG sind nur die invasiven Infektionen meldepflichtig, die durch Nachweis von *Haemophilus influenzae* in Blut oder Liquor diagnostiziert wurden. Seit 2015 erfüllen neben der Falldefiniationskategorie B und C auch alle weiteren labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionen unabhängig vom klinischen Bild die Referenzdefinition (Falldefiniationskategorien D und E). Für das Jahr 2015 wurden 416 Fälle nach der alten Falldefiniationsversion übermittelt, wovon 367 die Referenzdefinition (Falldefiniationskategorie B+C) erfüllten, 182 Fälle wurden nach der neuen Falldefiniationsversion übermittelt, die alle die Referenzdefinition (Falldefiniationskategorie B+C+D+E) erfüllten. Von letzteren entfielen 15 Fälle auf die Falldefiniationskategorien D und E. Es lässt sich also nur ein geringer Teil des Anstiegs der Fallzahlen von 461 im Jahr 2014 auf 549 im Jahr 2015 auf die Erweiterung der Referenzdefinition zurückführen. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.14.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurde mit 549 invasiven *Haemophilus influenzae*-Infektionen die höchste Zahl seit

Tab. 6.14.1:
Übermittelte *Haemophilus-influenzae*-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015.
Für 2015 zusätzlich differenziert nach Version der Falldefinition bei Erfassung

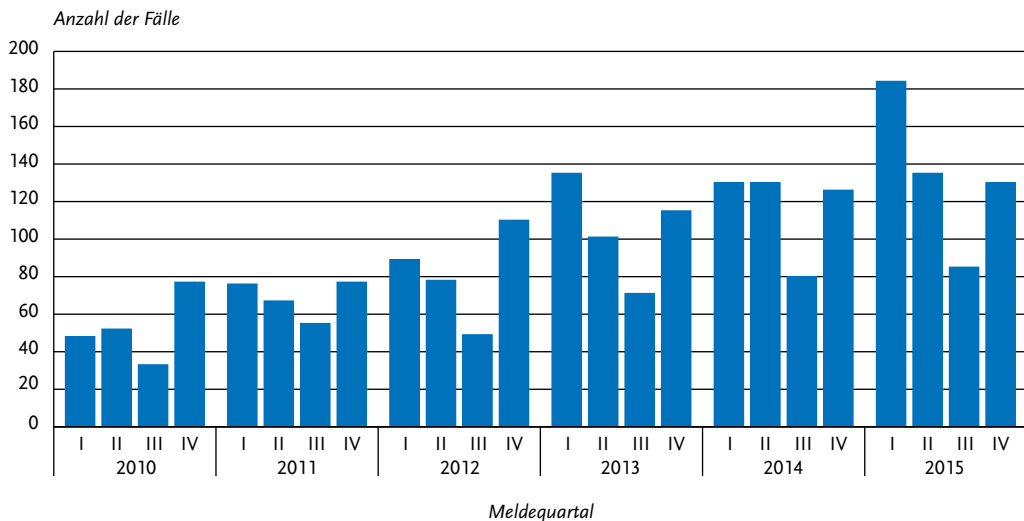
Kategorie	2014		2015 gesamt		Falldefinition vor 2015		Falldefinition 2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0		0		0		0	
klinisch-labordiagnostisch (C)	461	91%	534	89%	367	88%	167	92%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	12	2%	22	4%	19	5%	3	2%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	33	7%	42	7%	30	7%	12	7%
alle	506	100%	598	100%	416	100%	182	100%
Referenzdefinition	B+C		B+C, B+C+D+E		B+C		B+C+D+E	
	461	91%	549	92%	367	88%	182	100%

Beginn der Meldepflicht übermittelt und der seit 2006 beobachtete Trend steigender Fallzahlen bestätigt. Bis zum Jahr 2005 waren es lediglich ca. 70 Erkrankungen pro Jahr. Die Fallzahlen zeigten wie in den Vorjahren einen saisonalen Verlauf mit den niedrigsten Fallzahlen jeweils im III. Quartal (s. Abb. 6.14.1).

Geografische Verteilung

Die bundeslandspezifische Inzidenz lag zwischen 0,4 und 1,1 Fällen pro 100.000 Einwohner bei einer bundesweiten Inzidenz von 0,7 (Median der Vorjahre: 0,4). Fälle wurden in allen Bundesländern verzeichnet. Mit Ausnahme von Bremen und Brandenburg lag die Inzidenz in allen Bundeslän-

Abb. 6.14.1:
Übermittelte *Haemophilus-influenzae*-Fälle nach Meldequartal, Deutschland, 2010 bis 2015



dern höher als im Median der Vorjahre, vor allem im Saarland sowie in Sachsen-Anhalt, Sachsen, Mecklenburg-Vorpommern und Thüringen wurden im Jahr 2015 deutliche höhere Inzidenzen beobachtet als in den Jahren zuvor (s. Abb. 6.14.2).

Demografische Verteilung

An einer invasiven *Haemophilus-influenzae*-Infektion erkrankten vor allem Säuglinge und Kleinkinder im Alter <5 Jahren und ältere Menschen >59 Jahre (s. Abb. 6.14.3). Etwa 8 % (n=42) der übermittelten Fälle betrafen Kinder im Alter unter 5 Jahren, während fast drei Viertel (72%; n=394) der Fälle bei Erwachsenen >59 Jahre auftraten. Mit steigendem Alter nahm die Infektionshäufigkeit bei den alten Menschen deutlich zu und stieg von

0,8 Fällen/100.000 Einw. bei den 60- bis 69-Jährigen über 1,8 bei den 70- bis 79-Jährigen auf 3,9 bei den >79-Jährigen an. Lag die Gesamtinzidenz bei den >69-Jährigen im Jahr 2006 noch bei 0,4 Fällen/100.000 Einw. waren es im Jahr 2015 bereits 2,5. Dagegen stieg die Inzidenz bei <5-Jährigen im gleichen Zeitraum nur moderat von 0,8 auf 1,2.

Obwohl im Alter <3 Jahren und ab dem Alter ≥70 Jahren Jungen bzw. Männer häufiger betroffen waren, ist das Geschlechterverhältnis insgesamt ausgewogen (s. Abb. 6.14.3).

Nachgewiesene Erreger

Haemophilus influenzae können als bekapselte (Kapseltypen a bis f) oder unbekapselte Bakterien auftre-

Abb. 6.14.2: Übermittelte *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=549) im Vergleich mit den Vorjahren

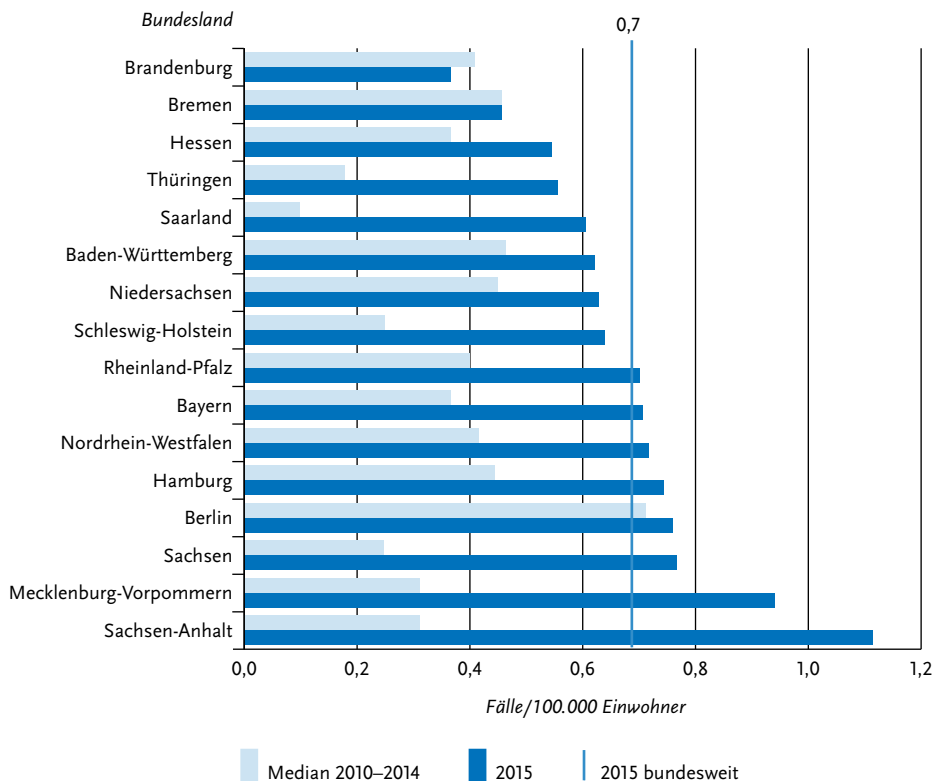
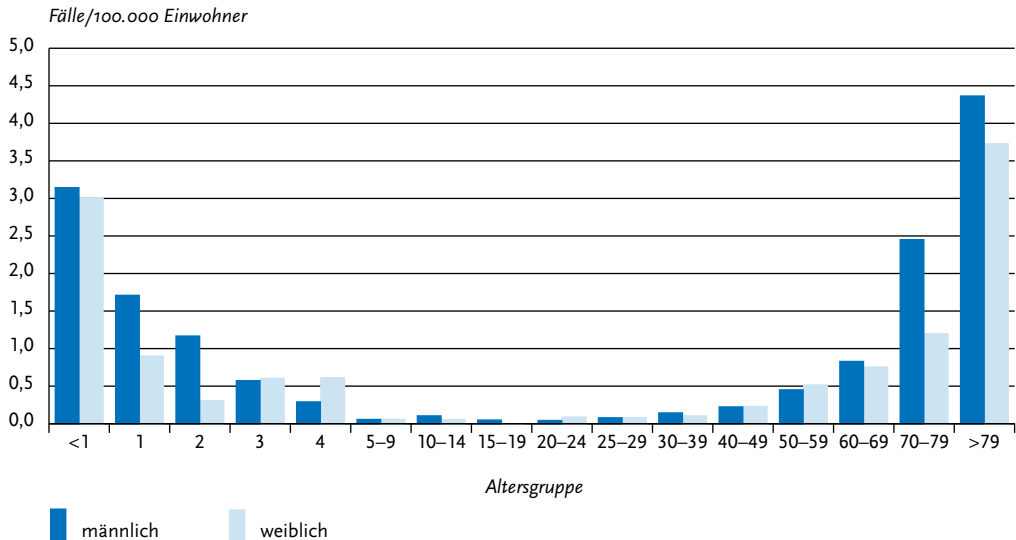


Abb. 6.14.3:
Übermittelte *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=549)



ten. Da sich die Impfung nur gegen den Kapseltyp b (Hib) richtet, ist für die Einschätzung der Wirksamkeit der Impfung und möglicher Auswirkungen auf die Kapseltypenverteilung eine Typisierung notwendig. Anhand einer Typisierung können bekapselte (»typisierbare«) von unbekapselten (»nicht typisierbare«) Stämmen unterschieden werden.

Der Anteil der Fälle mit Angaben zur Typisierung nimmt seit Jahren stetig zu. Für das Jahr 2015 lag bei 62 % (n=338) der übermittelten Fälle ein Hinweis auf eine durchgeführte Typisierung vor. Bei diesen wurde 252-mal das Typisierungsergebnis spezifiziert. In 20 Fällen (8 %) handelte es sich um den impfpräventablen Typ b, 30-mal (12 %) wurde der Typ f, 8-mal (3 %) der Typ e und 12-mal (5 %) der Typ non-b angegeben; 182-mal (72 %) wurde ein nicht typisierbarer Stamm gefunden.

Klinische Aspekte

Die am häufigsten übermittelten klinischen Bilder waren (bei Mehrfachnennung) Fieber in 355 Fällen (32 %), Lungenentzündung in 309 Fällen (27 %) und ein septisches Krankheitsbild in 172 Fällen (15 %). Daneben traten 20-mal Sinusitiden (2 %) und 16-mal Meningitiden (1 %) auf. Es wurden

26 Todesfälle (4,9 %) durch invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle übermittelt.

Impfstatus

Die Impfung gegen den Kapseltyp b ist bereits im ersten Lebensjahr allgemein empfohlen: In Abhängigkeit vom verwendeten Impfstoff gehören 2 (oder 3) Impfstoffdosen im Alter von 2, (3) und 4 Monaten sowie eine Boosterdosis im Alter von 11 bis 14 Monaten zur Grundimmunisierung. Für Patienten mit einem erhöhten Risiko für invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen, wie z. B. aufgrund funktioneller oder erworbener Asplenie, ist eine Impfstoffdosis empfohlen, wenn bisher noch nicht gegen Hib geimpft wurde.

Für die Auswertung des Impfstatus werden mit der Anzahl der erhaltenen Impfstoffdosen sowie der Art und dem Datum der letzten Impfung Angaben benötigt, die zuverlässig nur einer Arztdokumentation wie z. B. dem Impfpass des Patienten zu entnehmen sind. Außerdem gehört die Ermittlung des Kapseltyps zur Bewertung des möglichen Impfschutzes.

Da die Impfung seit 1990 verfügbar ist, wurde die Auswertung des Impfstatus auf die 51 erkrank-

ten Personen im Alter von 0 bis 25 Jahren beschränkt.

Von 51 Personen in dieser Altersgruppe waren 18 geimpft und 20 ungeimpft; 13 Fälle waren ohne Angabe zum Impfstatus. Von den 18 Geimpften lagen für 16 ausreichende Angaben zur Auswertung vor: 10 von ihnen waren vollständig geimpft. Von 6 der 10 vollständig geimpften Personen lagen Informationen zum Kapseltyp vor. Zweimal handelte es sich dabei um den Kapseltyp b und damit um Impfdurchbrüche. Diese Fälle trotz Impfung betrafen einen altersentsprechend geimpften 8 Monate alten Jungen, der mit einer Meningitis hospitalisiert wurde, und ein vollständig geimpftes 4-jähriges Mädchen, das mit meningealen Zeichen und einem septischen Krankheitsbild hospitalisiert wurde. Bei den übrigen Fällen wurde 2-mal der Kapseltyp f identifiziert und in 2 Fällen handelte es sich um nicht typisierbare Isolate.

Datenqualität

Die Vollständigkeit und Korrektheit der Angaben zum Impfstatus bei Kindern und Jugendlichen haben sich etwas verbessert. Die Kapseltypisierung wird aber weiterhin zu wenig durchgeführt, oder die Ergebnisse werden nicht immer übermittelt. Da die Impfung nur gegen den Typ b schützt, können Impfdurchbrüche nur anhand vollständiger Angaben zum Impfstatus und Kapseltyp erkannt werden. Außerdem wird nur mithilfe von Typisierungsergebnissen sichtbar, ob es zu einer Veränderung im Auftreten von Kapseltypen kommt. Bei Meldungen des Nachweises von *Haemophilus influenzae* aus Laboratorien sollten Gesundheitsämter immer eine Stammeinsendung an das Nationale Referenzzentrum für Meningokokken und *Haemophilus influenzae* zur Typisierung erbitten und bei allen vorliegenden Typisierungsbefunden sollte eine Rücksprache mit dem Nationalen Referenzzentrum für Meningokokken und *Haemophilus influenzae* erfolgen, um zeitnah vollständige und korrekte Angaben zum Kapseltyp ermitteln zu können.

Fazit

Invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle gehören weiterhin zu den eher seltenen meldepflichtigen Ereignissen, auch wenn ihre Zahl in den letzten Jahren angestiegen ist. Wie in den Vorjahren ist bei den über 69-Jährigen weiterhin ein Anstieg der

Fallzahlen zu verzeichnen (323 Fälle 2015 gegenüber 276 Fälle 2014). Da bisher noch von zu wenigen Fällen der Kapseltyp untersucht wurde, lässt sich derzeit nicht feststellen, ob mit der Zunahme der Fallzahlen eine Änderung des Erregerspektrums einhergeht. Da Kinder und Jugendliche nach wie vor nur äußerst selten erkranken und vorliegende Typisierungsergebnisse überwiegend Nicht-b-Erregertypen zeigen, lassen die vorhandenen Angaben den Schluss auf einen wirksamen Schutz durch die für alle Säuglinge und Kleinkinder empfohlene Hib-Impfung zu.

Literaturhinweise

- Kalies H, Siedler A, Grondahl B, et al.: *Invasive Haemophilus influenzae infections in Germany: impact of non-type b serotypes in the post-vaccine era*. BMC Infect Dis 2009; 9:1–7.
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland*, 2014. Epid Bull 2016; 16:129–134.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut / Stand: August 2015*. Epid Bull 2015; 34:327–362.
- RKI: *Invasive Haemophilus-influenzae-Infektionen in Deutschland*. Epid Bull 2011; 14:105–108.

6.15 Hantavirus-Erkrankung

Kurzbeschreibung

Hantaviren sind behüllte RNA-Viren, die zur Familie der *Bunyaviridae* gehören. Die Viren lassen sich aufgrund von Nukleokapsidproteinen serologisch 2 Gruppen zuordnen, der Hantaan-Gruppe und der Puumala-Gruppe. Innerhalb der Gruppen lassen sich Spezies abgrenzen: Zur Hantaan-Gruppe gehören unter anderem das Hantaan-Virus und das Dobrava-Virus und zur Puumala-Gruppe unter anderem das Puumala-Virus. Die Viren werden von infizierten Nagetieren über Speichel, Urin und Kot ausgeschieden. In Deutschland sind dies v. a. für Puumala-Infektionen die Rötelmaus und für Dobrava-Infektionen die Brand- und die Gelbhalsmaus. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt durch die Inhalation virushaltiger Aerosole, durch den Kontakt der verletzten Haut mit kontaminiertem Staub oder durch Bisse. Die Infektion führt in Abhängigkeit vom Virustyp zu verschiedenen schwe-

ren Krankheitsbildern bis hin zu lebensbedrohenden fieberhaften Verläufen mit massiver Blutungsneigung. Typisch für die Infektion mit in Deutschland vorkommenden Hantaviren ist die Nierenbeteiligung.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.15.1).

Zeitlicher Verlauf

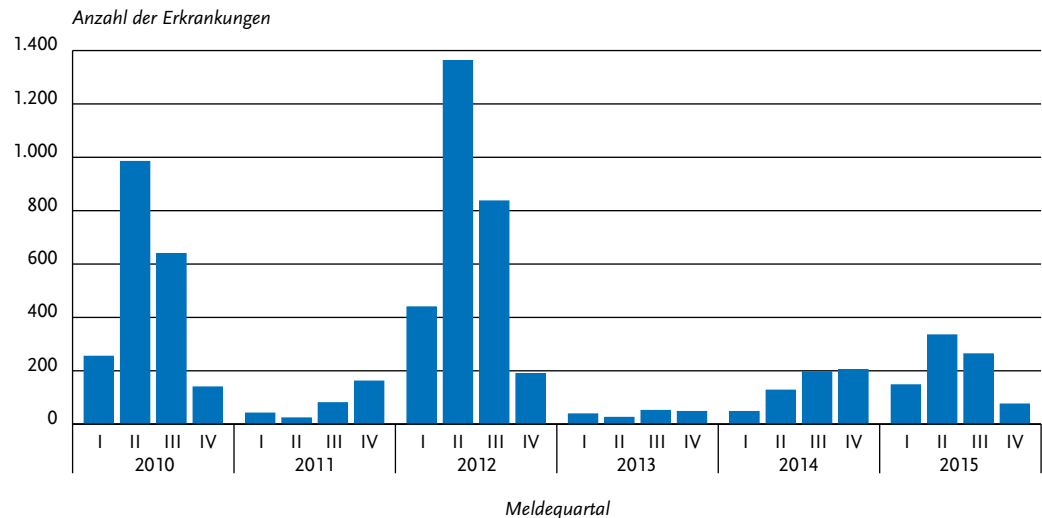
Im Jahr 2015 wurden 823 Erkrankungen, also 1,4-mal mehr als im Vorjahr übermittelt. Dies entspricht 1,0 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die Mehrzahl (59 %) trat in der ersten Jahreshälfte auf (s. Abb. 6.15.1).

Die Dichte der Nagetierpopulationen, die das Reservoir für Hantaviren bilden, ist erheblichen jährlichen Schwankungen unterworfen. Eine Zunahme der Populationsdichte tritt in mehrjährigen

Tab. 6.15.1:
Übermittelte Hantavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0%	0	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	571	96%	823	95%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	7	1%	13	1%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	17	3%	33	4%
alle	595	100%	869	100%
Referenzdefinition (B+C)	571	96%	823	95%

Abb. 6.15.1:
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2010 bis 2015



Zyklen auf und wird u. a. durch klimatische Faktoren sowie das Nahrungsangebot (Buchenmast im jeweiligen Vorjahr) beeinflusst.

Geografische Verteilung

Die geografische Verteilung der Hantavirus-Erkrankungen wird vor allem durch die regionale Verbreitung infizierter Reserviertiere bestimmt. Eine Inzidenz über dem bundesweiten Mittelwert von 1,0 Erkr./100.000 Einw. im Jahr 2015 wurde in Baden-Württemberg (4,4 Erkr./100.000 Einw.), Thüringen und Bayern (jeweils 1,1) ermittelt.

Bei 583 Erkrankungen (71 %) wurden Angaben zum möglichen Infektionsland gemacht. Von insgesamt 585 Nennungen entfielen 562 (96 %) auf Deutschland. Des Weiteren wurden Polen (3-mal), Österreich und Schweden (jeweils 2-mal) sowie 11 weitere europäische Länder und die Vereinigten Staaten je einmal genannt.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz war bei der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen am höchsten (1,7 Erkr./100.000 Einw.). Bei unter 15-Jährigen war die Erkrankung vergleichsweise selten (<1 % der Fälle, Inzidenz: 0,06). Die Erkrankten waren überwiegend (69 %) männlichen Geschlechts; die höchste Inzidenz

(2,2) wurde für die 30- bis 39- und 50- bis 59-jährigen Männer errechnet (s. Abb. 6.15.2).

Nachgewiesene Erreger

Für 812 Erkrankungen wurden Angaben zum Serotyp gemacht, wobei die Hantavirus-Spezies für 267 Erkrankungen nicht vorlag. Unter den Erkrankungen mit Speziesangabe entfielen 515 (94 %) auf das Puumala-Virus und 27 (5 %) auf das Dobrava-Virus. Fast ein Drittel (30 %) der Dobrava-Infektionen wurde aus Mecklenburg-Vorpommern übermittelt.

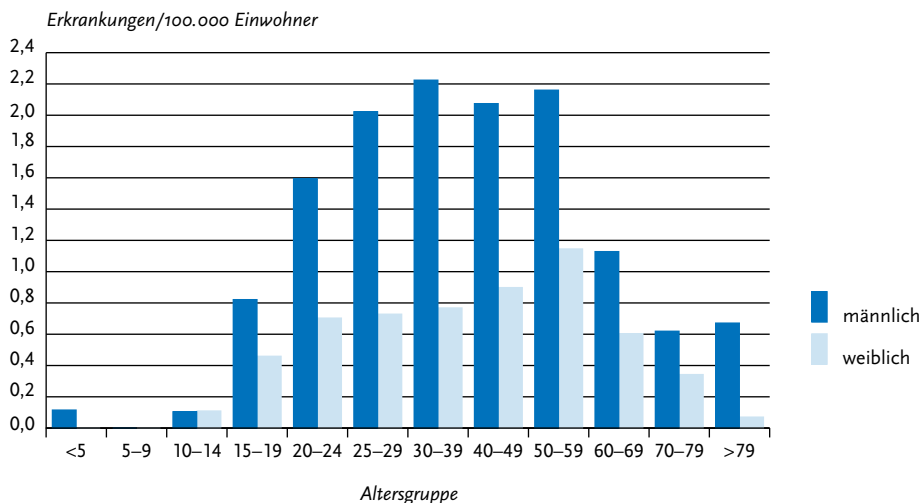
Klinische Aspekte

Bei 605 Erkrankten (74 %) wurde eine Nierenfunktionsstörung, das Leitsymptom der Hantavirus-Erkrankung in Deutschland, angegeben. Es wurden zwei Todesfälle im Zusammenhang mit einer Hantavirus-Erkrankung übermittelt. Diese betrafen einen 23-jährigen Mann, der sich die Infektion wahrscheinlich während eines Campingurlaubs in Georgien zugezogen hatte, und einen 80-jährigen Mann aus Baden-Württemberg.

Datenqualität

Bei den Angaben zur Virusspezies ist zu berücksichtigen, dass serologisch eine starke Kreuzreak-

Abb. 6.15.2: Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=821)



tivität zwischen den einzelnen Spezies besteht und die hier präsentierten Daten nur einen (groben) Anhalt für die Verteilung der Virustypen unter den übermittelten Fällen geben können.

Fazit

Trotz ausgeprägter Buchenmast im Herbst 2014 wurden im Jahr 2015 nicht die Fallzahlen der vorausgegangenen Ausbruchsjahre 2007, 2010 und 2012 erreicht.

Literaturhinweise

- Roda Gracia J, Schumann B, Seidler A: *Climate Variability and the Occurrence of Human Puumala Hantavirus Infections in Europe: A Systematic Review*. *Zoonoses Public Health* 2015; 62:465–478.
- Latus J, Schwab M, Tacconelli E, et al.: *Clinical course and long-term outcome of hantavirus-associated nephropathia epidemica, Germany*. *Emerg Infect Dis* 2015; 21:76–83.
- Krüger DH, Ulrich RG, Hofmann J: *Hantaviruses as zoonotic pathogens in Germany*. *Dtsch Arztebl Int* 2013; 110:461–467.
- Faber M, Wollny T, Schlegel M, et al.: *Puumala virus outbreak in western Thuringia, Germany, 2010: Epidemiology and strain identification*. *Zoonoses Public Health* 2013; 60:549–554.
- Winter C, Brockmann SO, Piechotowski I, et al.: *Survey and case-control study during epidemics of Puumala virus infection*. *Epidemiol Infect* 2009; 137:1479–1485.

6.16 Hepatitis A

Kurzbeschreibung

Das Hepatitis-A-Virus verursacht eine akute Leberentzündung mit den klinischen Zeichen einer Gelbsucht. Das Virus wird mit dem Stuhl ausgeschieden und durch direkten Kontakt, verunreinigte Nahrungsmittel oder verunreinigtes Trinkwasser übertragen. In Ländern mit niedrigem Hygienestandard ist die Durchseuchung schon im Kindesalter sehr hoch. Nach einer Infektion verbleibt eine lebenslange Immunität. In Europa und Nordamerika kam es in den letzten Jahrzehnten zu einem kontinuierlichen Rückgang der Infektionshäufigkeit, sodass hier immer weniger Jugendliche und Erwachsene eine Immunität besitzen. Eine Schutzimpfung steht zur Verfügung.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.16.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden 856 Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt, 174 (20 %) mehr als im Vorjahr. Die bundesweite Inzidenz ist damit auf 1,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner gestiegen, den höchsten Wert der letzten 5 Jahre. Seit 2001 haben die übermittelten Hepatitis-A-Erkrankungen insgesamt um 62 % abgenommen und liegen nach wie vor auf einem niedrigen Niveau.

Die Erkrankungszahlen zeigten im Jahr 2015 wie in den Vorjahren einen ausgeprägten saisona-

Tab. 6.16.1: Übermittelte Hepatitis-A-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	3	0 %	11	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	679	79 %	845	74 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	68	8 %	111	10 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	109	13 %	176	15 %
alle	859	100 %	1.143	100 %
Referenzdefinition (B+C)	682	79 %	856	75 %

len Verlauf mit einem Anstieg in den Monaten September bis Dezember. Dieser spiegelt – verzögert durch die bis zu 50 Tage lange Inkubationszeit – die vermehrte Reiseaktivität und das damit verbundene erhöhte Infektionsrisiko in den Sommer- und Herbstmonaten wider (s. Abb. 6.16.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz lag in den Bundesländern Sachsen-Anhalt, Berlin, Hamburg, Thüringen, Nordrhein-Westfalen, Hessen, Bremen, Niedersachsen und Schleswig-Holstein über dem bundesweiten Durchschnitt. Ein Rückgang der Inzidenz im Vergleich zu den Vorjahren war vor allem in Sachsen (Rückgang um 20 %) und dem Saarland (18 %) zu beobachten. Größere Anstiege im Vergleich zum Vorjahr waren in Sachsen-Anhalt (Anstieg um 90 %), Schleswig-Holstein (78 %), Thüringen (40 %) und Hessen (34 %) bemerkbar (s. Abb. 6.16.2).

Angaben zum Infektionsland wurden bei 570 Erkrankungen (67 %) übermittelt. Von den 594 Nennungen zum Infektionsland (Mehrfachnennungen waren möglich) entfielen 386 (65 %) auf Deutschland (s. Tab. 6.16.2). Das am häufigsten genannte ausländische Infektionsland war Syrien

Tab. 6.16.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-A-Erkrankungen, Deutschland, 2015 (Mehrfachnennungen möglich, 570 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	386	65 %
Syrien	33	6 %
Ägypten	22	4 %
Afghanistan	14	2 %
Türkei	12	2 %
Rumänien	9	2 %
Indien	6	1 %
Pakistan	6	1 %
Spanien	6	1 %
Libanon	5	1 %
Andere	95	16 %
Summe	594	100 %

Abb. 6.16.1:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2015 (n=856) im Vergleich mit den Vorjahren

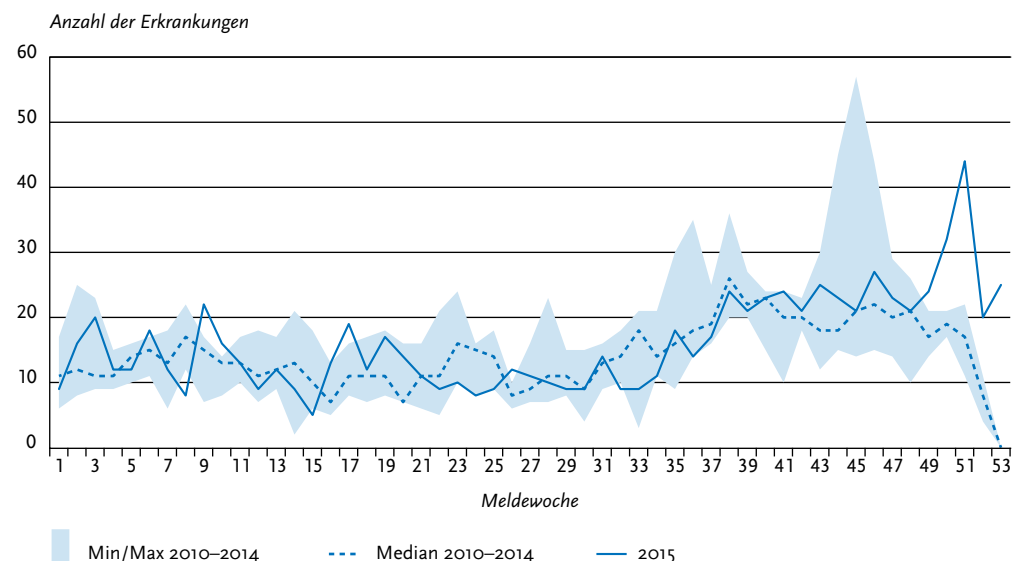
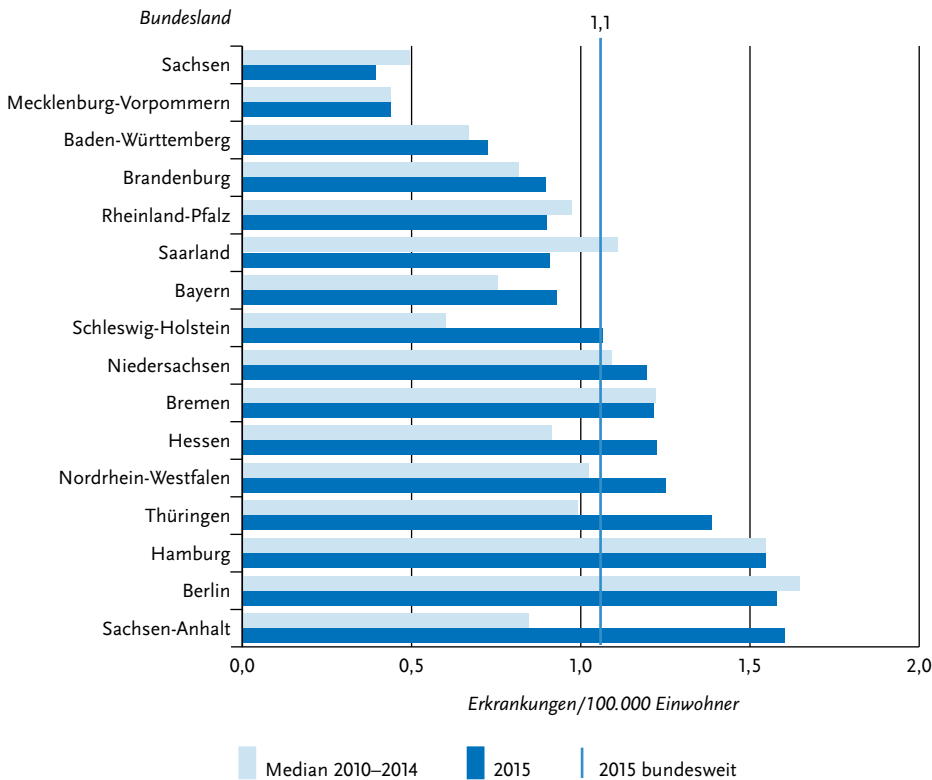


Abb. 6.16.2:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=856) im Vergleich mit den Vorjahren



(6%), gefolgt von Ägypten (4%), Afghanistan, Rumänien und der Türkei (je 2%).

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz war bei Kindern und jungen Erwachsenen unter 20 Jahren am höchsten (s. Abb. 6.16.3). Wie in den Vorjahren lag der Gipfel bei den 5- bis 9-Jährigen. Dabei ist zu bedenken, dass die Inzidenz der Hepatitis-A-Virus-Infektionen im Kindesalter eher unterschätzt wird, da insbesondere Kleinkinder in der Regel gar nicht oder weniger schwer erkranken. Jungen bzw. Männer waren in fast allen Altersgruppen stärker betroffen als Mädchen und Frauen, außer bei den 30- bis 39-Jährigen sowie den 50- bis 59-Jährigen. Insgesamt ergibt sich zwischen den Geschlechtern

ein merklicher Unterschied in der Inzidenz (weibliche Personen: 0,9 und männliche Personen: 1,2 Erkr./100.000 Einw.).

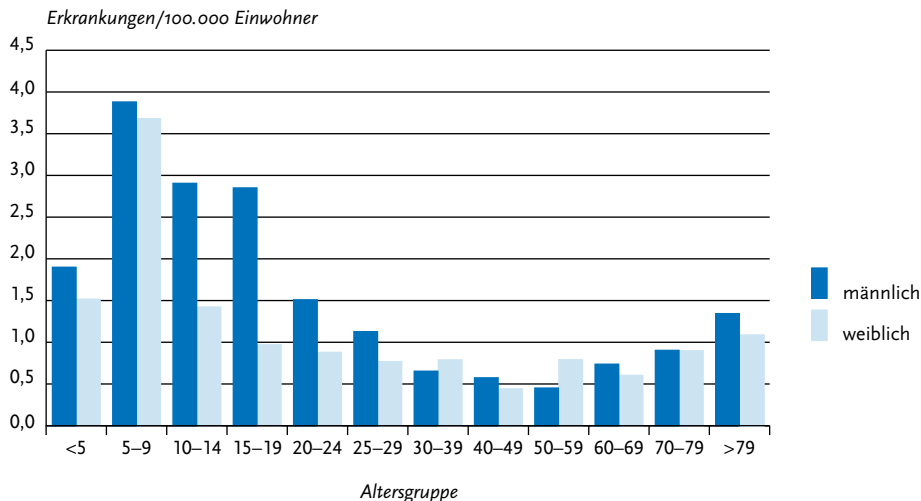
Klinische Aspekte

Im Jahr 2015 wurden 3 Todesfälle infolge einer Hepatitis-A-Erkrankung übermittelt. Betroffen waren zwei Frauen im Alter von 65 und 94 Jahren und ein 52-jähriger Mann mit Vorerkrankungen.

Impfstatus

Es stehen sowohl monovalente Hepatitis-A-Impfstoffe als auch Kombinationsimpfstoffe gegen Hepatitis A und Hepatitis B bzw. Hepatitis A und Typhus zur Verfügung. In Abhängigkeit vom verwendeten Impfstoff gehören eine bzw. 2 oder

Abb. 6.16.3:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=851) Erkrankungen/100.000 Einwohner



3 Dosen zu einer vollständigen Grundimmunisierung. Nach der ersten Impfdosis mit monovalentem Impfstoff sind bei mindestens 95 % der Geimpften entsprechende Antikörper nachweisbar. Schützende Antikörper entstehen bei den meisten Geimpften 12 bis 15 Tage nach der ersten Impfdosis. In Anbetracht der langen Inkubationszeit kann die Impfung daher auch noch kurz vor einer Reise in ein Endemiegebiet und sogar kurz nach einer Exposition sinnvoll sein.

Bei 675 (79 %) der 856 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.16.4). Von diesen wurden 642 (95 %) als ungeimpft übermittelt. In 33 Fällen wurde eine Hepatitis-A-Erkrankung trotz Impfung angegeben: 3 Personen hatten 3 Impfdosen, 2 hatten 2 Impfdosen und 24 hatten nur eine Impfdosis erhalten. Für 4 weitere Personen war die Anzahl der Impfdosen unbekannt. Insgesamt lagen ausreichende Angaben zu Impf- und Erkrankungszeitpunkten sowie Art und Anzahl der Impfstoffdosen für 25 Erkrankte vor.

Vier Patienten, die eine vollständige Grundimmunisierung erhalten hatten, erkrankten 41 Tage bzw. 6 bis 9 Jahre nach der letzten Impfdosis an Hepatitis A. Die vorliegenden Informationen spre-

chen in diesen 4 Fällen für einen wahrscheinlichen Impfdurchbruch.

Ausbrüche

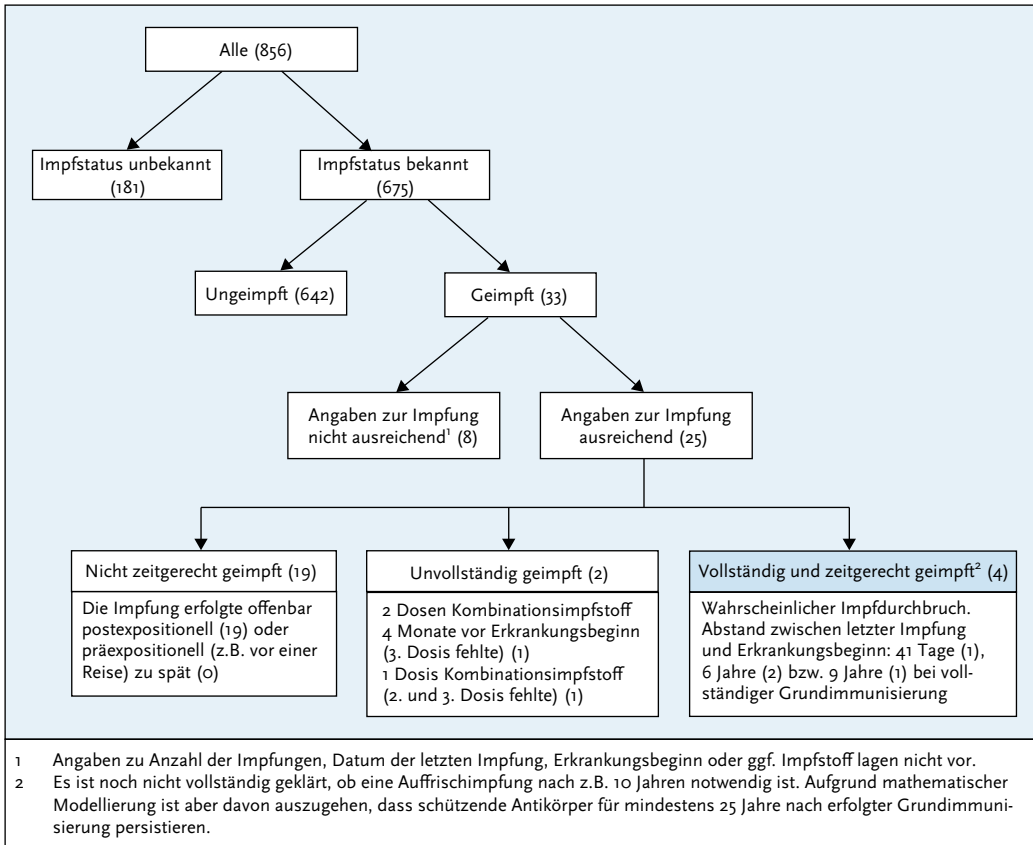
Es wurden 61 Ausbrüche von Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt, 74 % mehr als im Vorjahr; 6 davon betrafen 5 oder mehr Erkrankte. Die Gesamtzahl der Fälle, die Ausbrüchen zugeordnet wurden, betrug 175; dies entspricht 20 % aller übermittelten Hepatitis-A-Erkrankungen (2014: 17 %).

Die größte Häufung betraf 13 Erkrankte aus dem Burgenlandkreis im Zusammenhang mit einer Gemeinschaftseinrichtung für Kinder und Jugendliche. Bei weiteren größeren Ausbrüchen waren 10 Erkrankte (Speisestätte), 8 Erkrankte (Schule) und je 5 Erkrankte (Asylunterkunft bzw. familiäre Häufung nach einer Libanon-Reise) betroffen.

Datenqualität

Die Informationen zur Anzahl der Impfungen sowie Art und Datum der letzten Impfung sind häufig unvollständig. Die Qualität der erhobenen Impfangaben wurde bisher nicht systematisch überprüft.

Abb. 6.16.4:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2015 (n=856)



Fazit

Die Mehrzahl der an Hepatitis-A-Erkrankten war ungeimpft. Ein nicht geringer Anteil wurde im Ausland erworben und hätte bei geplantem Auslandsaufenthalt mit hoher Wahrscheinlichkeit durch einen zeitgerechten vollständigen Impfschutz vermieden werden können.

Literaturhinweise

Theeten H, Van Herck K, Van Der Meeren O, et al.: *Long-term antibody persistence after vaccination with a 2-dose Havrix™ (inactivated hepatitis A vaccine): 20 years of observed data, and long-term model-based predictions.*

Vaccine 2015;33(42):5723–5727. DOI: 10.1016/j.vaccine.2015.07.008

Sane J, MacDonald E, Vold L, et al., on behalf of the International Outbreak Investigation Team (for Germany/RKI: Gertler M FM, Frank C), (2015) *Multi-state foodborne hepatitis A outbreak among European tourists returning from Egypt – need for reinforced vaccination recommendations, November 2012 to April 2013.* www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21018, DOI:10.2807/1560-7917.ES2015.20.4.21018

Severi E, Verhoef L, Thornton L, et al. (2015) *Large and prolonged food-borne multistate hepatitis A outbreak in Europe associated with consumption of frozen berries, 2013 to 2014.* www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21192, DOI:10.2807/1560-7917.ES2015.20.29.21192

- Gossner C, Severi E, Danielsson N, et al.: *Changing hepatitis A epidemiology in the European Union: new challenges and opportunities*. Euro Surveill 2015; 20(16):pii: 21101. DOI: 10.2807/1560-7917.ES2015.20.16.21101
- Harries M, Monazahian M, Wenzel J (2014) *Foodborne hepatitis A outbreak associated with bakery products in northern Germany*, 2012. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20992 DOI:10.2807/1560-7917.ES2014.19.50.20992
- Poethko-Müller C, Zimmermann R, Hamouda O, et al.: *Die Seroepidemiologie der Hepatitis A, B und C in Deutschland: Ergebnisse der Studie zur Gesundheit Erwachsener in Deutschland (DEGS1)*. Bundesgesundheitsbl-Gesundheitsforsch-Gesundheitsschutz 2013;56:707–715.
- Faber MS, Stark K, Behnke SC, et al.: *Epidemiology of hepatitis A virus infections, Germany, 2007–2008*. Emerg Infect Dis 2009;15(11):1760–1768.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut / Stand: August 2015*. Epid Bull 2015;34:327–362. DOI:10.17886/EpiBull-2015-001.2
- RKI: *Impfschutz bei Erwachsenen in Schleswig-Holstein 2011 – ein Update nach acht Jahren*. Epid Bull 2013;22:137–203.

6.17 Hepatitis B

Kurzbeschreibung

Die Hepatitis B ist eine weltweit beim Menschen vorkommende, durch Hepatitis-B-Viren ausgelöste Leberentzündung, die vorwiegend sexuell und durch Kontakt mit kontaminiertem Blut oder Körperflüssigkeiten übertragen wird. Bei Erwachsenen heilt sie meistens aus, kann aber in ca. 5 bis 10 % der Fälle chronisch verlaufen und in eine Leberzirrhose oder ein Leberzellkarzinom übergehen. Es gibt eine wirksame Schutzimpfung.

Falldefinition

Die Falldefinitionen wurden im Jahr 2015 dahingehend geändert, dass nur noch der direkte Hepatitis-B-Erregernachweis die Kriterien für einen labor diagnostischen Nachweis erfüllt. Als Bestätigungstest für einen HBs-Antigennachweis ist der HBe-Antigennachweis hinzugekommen. Der Anti-HBc-IgM-Antikörpernachweis, der nach den Falldefinitionen bis einschließlich 2014 als alleiniger serologischer Marker ausreichte, um die labor diagnostischen Kriterien der Falldefinition zu erfüllen, ist dagegen entfallen und wird nur noch als Zusatzinformationen abgefragt. Unter den Fällen, die nach der neuen Falldefinition erfasst

wurden, erfüllen nun nicht nur klinisch-labor diagnostisch bestätigte Fälle (C), sondern auch labor diagnostisch nachgewiesene Infektionen, bei denen das klinische Bild nicht erfüllt (D) oder unbekannt ist (E), die Referenzdefinition (Tab. 6.17.1). Die beschriebenen Änderungen dienen nicht nur der Anpassung an die europäischen Falldefinitionen, sondern zielen auch darauf ab, den aktiven, d.h. infektiösen und damit übertragbaren, Hepatitis-B-Infektionen nachzugehen, unabhängig von der Ausprägung ihrer Symptomatik. Mit Einführung der neuen Referenzdefinition wird die Zahl der veröffentlichten Hepatitis-B-Fälle deutlich höher als in den Vorjahren ausfallen.

Für das Jahr 2015 wurden 2.379 Fälle (63 %) nach der alten und 1.404 Fälle (37 %) nach der neuen Falldefinition erfasst und übermittelt. Von letzteren entfielen 1.175 auf die Falldefinitionskategorien D und E. Dadurch ging der Anteil der klinisch-labor diagnostisch bestätigten Fälle (C) im Vergleich zum Vorjahr von 32 % auf 19 % zurück. Die nachfolgenden Auswertungen beziehen sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.17.1 und Tab. 6.17.2).

Von den 503 Hepatitis-B-Erkrankungen, die nach der alten Falldefinition erfasst wurden, waren 114 (23 %) ausschließlich durch Anti-HBc-IgM-Nachweis laborbestätigt; unter den 1.404 Hepatitis-B-Virus-Infektionen, die nach der neuen Falldefinition erfasst und übermittelt wurden, erfolgte der Bestätigungstest in 91 Fällen mittels HBe-Antigennachweis (Tab. 6.17.2).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden insgesamt 3.783 Hepatitis-B-Virus-Infektionen übermittelt, und damit 1.395 Fälle mehr als im Vorjahr. Von den übermittelten Fällen entsprachen 1.907 Fälle (50 %), 1.152 mehr als im Vorjahr, der Referenzdefinition (s. Tab. 6.17.1). Die Inzidenz der Hepatitis B in Deutschland betrug 2,4 Infektionen pro 100.000 Einwohner (2014: 0,9). Die Fallzahlen stiegen vor allem im zweiten Halbjahr an. Wurden im ersten Halbjahr durchschnittlich 21 Infektionen pro Woche übermittelt (Maximum 35 in der 11. Woche), stieg die Zahl im zweiten Halbjahr auf bis zu durchschnittlich 50 Infektionen pro Woche an (Maximum 88).

Tab. 6.17.1:
Übermittelte Hepatitis-B-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015.
Für 2015 zusätzlich differenziert nach Version der Falldefinition bei Erfassung

Kategorie	2014		2015 gesamt		Falldefinition vor 2015		Falldefinition 2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	755	32 %	732	19 %	503	21 %	229	16 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	641	27 %	589	16 %	415	17 %	174	12 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	992	42 %	2.462	65 %	1.461	61 %	1.001	71 %
alle	2.388	100 %	3.783	100 %	2.379	100 %	1.404	100 %
Referenzdefinition	C		C, C+D+E		C		C+D+E	
	755	32 %	1.907	50 %	503	21 %	1.404	100 %

Tab. 6.17.2:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen (Referenzdefinition, n=1.907); Auswirkung der Falldefinitionsänderung,
Deutschland, 2015

Referenzdefinition	Falldefinition vor 2015	Falldefinition 2015
	Anzahl	Anzahl
Referenzdefinition	503	1.404
davon mit Angabe zum Labornachweis	446	1.404
davon auch gemäß der jeweils anderen Falldefinition laborbestätigt	332	1.313
davon nur durch Nachweise laborbestätigt, die in Falldefinition 2015 entfallen sind	114	–
davon nur durch in Falldefinition 2015 hinzugekommene Nachweise laborbestätigt	–	91

Geografische Verteilung

Die Inzidenzen in den Bundesländern betragen zwischen 0,5 Infektionen pro 100.000 Einwohner in Bremen und 5,7 in Bayern. Verglichen mit dem Median der Vorjahre nahm die Inzidenz in fünf Bundesländern ab (Berlin, Hamburg, Bremen, Rheinland-Pfalz und Saarland), während in allen übrigen 11 Bundesländern eine Zunahme zu verzeichnen war (s. Abb. 6.17.2). Besonders stark war der Anstieg in Bayern (von 0,9 auf 5,7), Hessen (von 1,2 auf 4,0), Sachsen-Anhalt (von 1,1 auf 2,9) und Sachsen (0,7 auf 2,8).

Bei 585 der insgesamt 1.907 Infektionen (31 %) wurde das Infektionsland angegeben, wobei unter Berücksichtigung von Mehrfachnennungen 593

Angaben gemacht wurden und unter den 10 häufigsten Nennungen 54 % auf Deutschland entfielen. Bei 7 % der Nennungen wurde Afghanistan, bei 5 % Syrien und bei 3 % Eritrea als Infektionsland angegeben.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz für Hepatitis B lag bei Jungen und Männern mit 3,4 Infektionen/100.000 Einw. 2,5-mal so hoch wie bei Mädchen und Frauen (1,4). Bei Frauen war die Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen am stärksten betroffen (4,0). Dagegen lag das Maximum bei Männern in der Gruppe der 15- bis 19-Jährigen (8,1 vs. 1,0 bei Frauen; s. Abb. 6.17.3). Auch im Jahr 2014 lag die Inzidenz für Hepatitis B

Abb. 6.17.1:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Meldewoche, Deutschland, 2015 (n=1.907) im Vergleich mit den Vorjahren

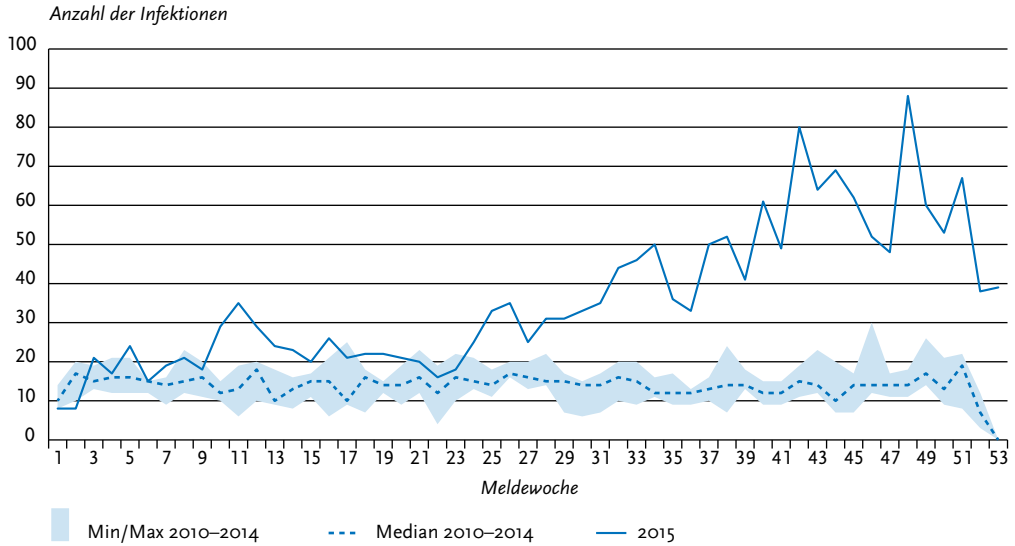


Abb. 6.17.2:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=1.907) im Vergleich mit den Vorjahren

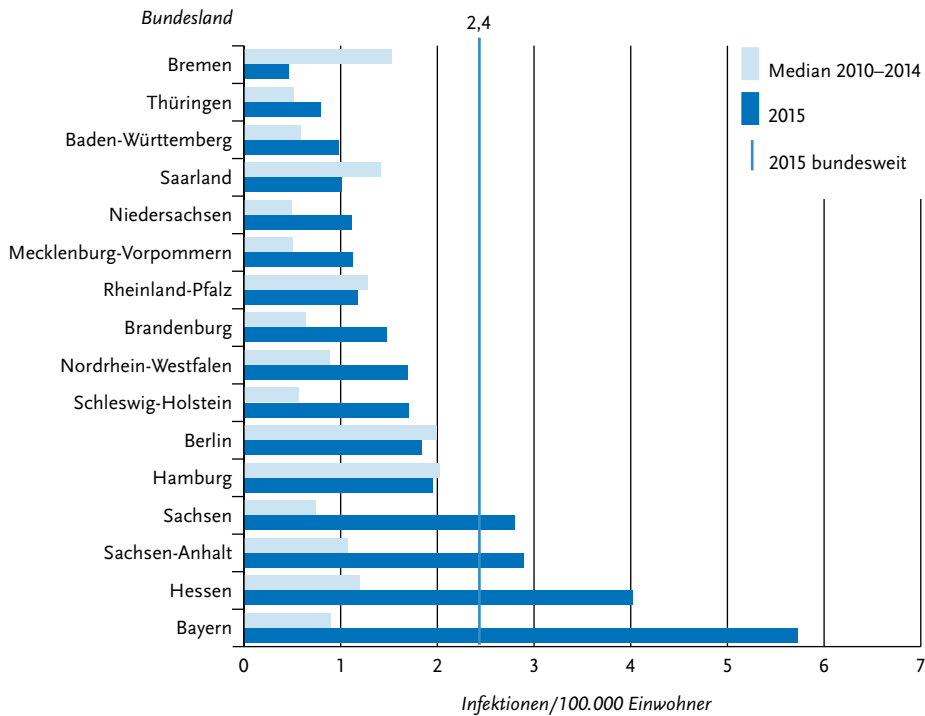
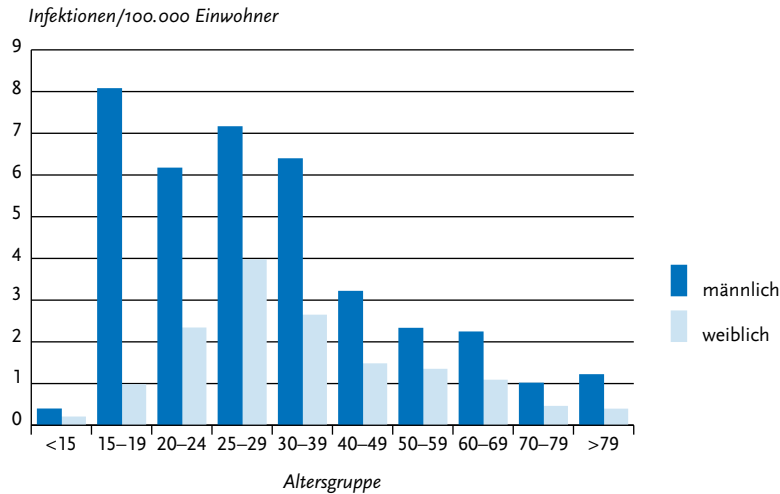


Abb. 6.17.3:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=1.893)



bei Männern mit 1,3 Infektionen/100.000 Einw. insgesamt deutlich höher als bei Frauen (0,6). Allerdings zeigte sich im Vorjahr der Häufigkeitsgipfel bei den Männern in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen, während das Maximum bei Frauen genau wie im Jahr 2015 in der Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen lag.

Die Inzidenz im Kindesalter (<15 Jahre) ist niedrig: Insgesamt wurden 31 Infektionen übermittelt, davon drei bei Kindern im ersten Lebensjahr. Demgegenüber waren im Vorjahr nur 11 Meldungen übermittelt worden, davon eine bei einem Kind im ersten Lebensjahr. In der Altersgruppe der unter 15-Jährigen fiel die absolute Anzahl der Fälle bei unter 15-Jährigen von einem Median von 13 in den Jahren 2005 bis 2009 auf einen Median von 6 in den letzten 5 Jahren (2010 bis 2014).

Infektionsrisiken

Aufgrund der Umstellung der Erfassungssoftware und der veränderten Erfassung der Transmissionswege sind die Daten zu Übertragungswegen nur mit den 4 Vorjahren vergleichbar.

Es finden sich bei 129 (6,8%) der 1.907 gemäß Referenzdefinition übermittelten Fälle Angaben zum Übertragungsweg. Mehrfachnennungen wurden auf den wahrscheinlichsten Übertragungsweg reduziert.

Sexuelle Transmissionen wurden mit 52 Meldungen (40% der Fälle mit Angaben zum wahrscheinlichen Transmissionsweg) am häufigsten angegeben, darunter in 28 Fällen (54% der Fälle mit Angabe sexueller Übertragung) durch gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern. Heterosexuelle Kontakte wurden nur dann als wahrscheinlichster Transmissionsweg gezählt, wenn bekannt war, dass der Partner Hepatitis B positiv war. Als zweithäufigster Übertragungsweg wurde bei 31 Fällen (24%) die Wohngemeinschaft mit einem Hepatitis-B-Virusträger angegeben, gleichauf mit i. v.-Drogenkonsum (31 Fälle, 24%). Des Weiteren wurde bei 9 Fällen der Erhalt von Blutprodukten (mit zeitlicher Angabe), bei 4 Fällen eine Dialyse und bei 2 Fällen die perinatale Übertragung als wahrscheinlichster Übertragungsweg genannt.

Impfstatus

Die STIKO empfiehlt eine Hepatitis-B-Impfung für alle Säuglinge, Kinder und Jugendliche sowie für definierte Indikationsgruppen (unter anderem i. v.-Drogengebrauchende, Gefängnisinsassen, Personen mit Sexualverhalten mit hohem Infektionsrisiko, expositionsgefährdetes Personal in medizinischen Einrichtungen). In Deutschland stehen monovalente Hepatitis-B-Impfstoffe, bivalente Kombinationsimpfstoffe gegen Hepatitis A und B

und hexavalente Kombinationsimpfstoffe mit Hepatitis-B-Komponente für Kinder zur Verfügung. In Abhängigkeit vom verwendeten Impfstoff und Impfschema besteht eine vollständige Grundimmunisierung aus 3 bzw. 4 Impfdosen. Nach vollständiger Grundimmunisierung im Kindes- bis jungen Erwachsenenalter lassen sich bei über 95 % der Geimpften schützende Antikörper nachweisen. Nach internationalen Studien kann von einem langjährigen, möglicherweise sogar lebenslangen Schutz gegen eine Erkrankung an Hepatitis B ausgegangen werden.

Bei 1.002 (53 %) der 1.907 übermittelten Hepatitis-B-Virus-Infektionen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.17.4). Von diesen 1.002 Infektionen wurden 961 (96 %) als ungeimpft übermittelt. In 41 Fällen wurde eine Hepatitis-B-Virus-Infektion trotz Impfung angegeben.

Da ausreichende Angaben zur Anzahl der Impfstoffdosen sowie zu Datum und Art der letzten Impfung jedoch nur für 24 Infektionen vorlagen, können nur diese bewertet werden. Bei 15 dieser Infektionen waren lediglich ein oder 2 Impfdosen angegeben, sodass angenommen werden muss, dass keine vollständige Grundimmunisierung erfolgt ist. Neun Betroffene hatten eine vollständige und zeitgerechte Grundimmunisierung mit mindestens 3 Impfungen erhalten. Darunter infizierten sich 7 Personen zwischen 2 Monaten und 15 Jahren nach der letzten Impfung. Für 2 Personen lagen mehr als 15 Jahre zwischen der letzten Impfung und der Infektion. In den letztgenannten 9 Fällen sprechen die vorliegenden Informationen für einen Impfdurchbruch.

Ausbrüche

Im Jahr 2015 wurden 4 Fallverknüpfungen mit insgesamt 12 Fällen übermittelt. Bei 3 Verknüpfungen (von jeweils 2 Fällen) war der wahrscheinlichste Übertragungsweg der Haushaltskontakt bzw. die Wohngemeinschaft mit einem Virusträger, wobei in einer Verknüpfung nicht ausgeschlossen werden konnte, dass es sich um eine alte Infektion mit perinataler Übertragung handeln könnte. Bei einer Fallverknüpfung von 6 Fällen war ebenfalls die Wohngemeinschaft mit einem Virusträger als wahrscheinlichster Übertragungsweg anzunehmen.

Datenqualität

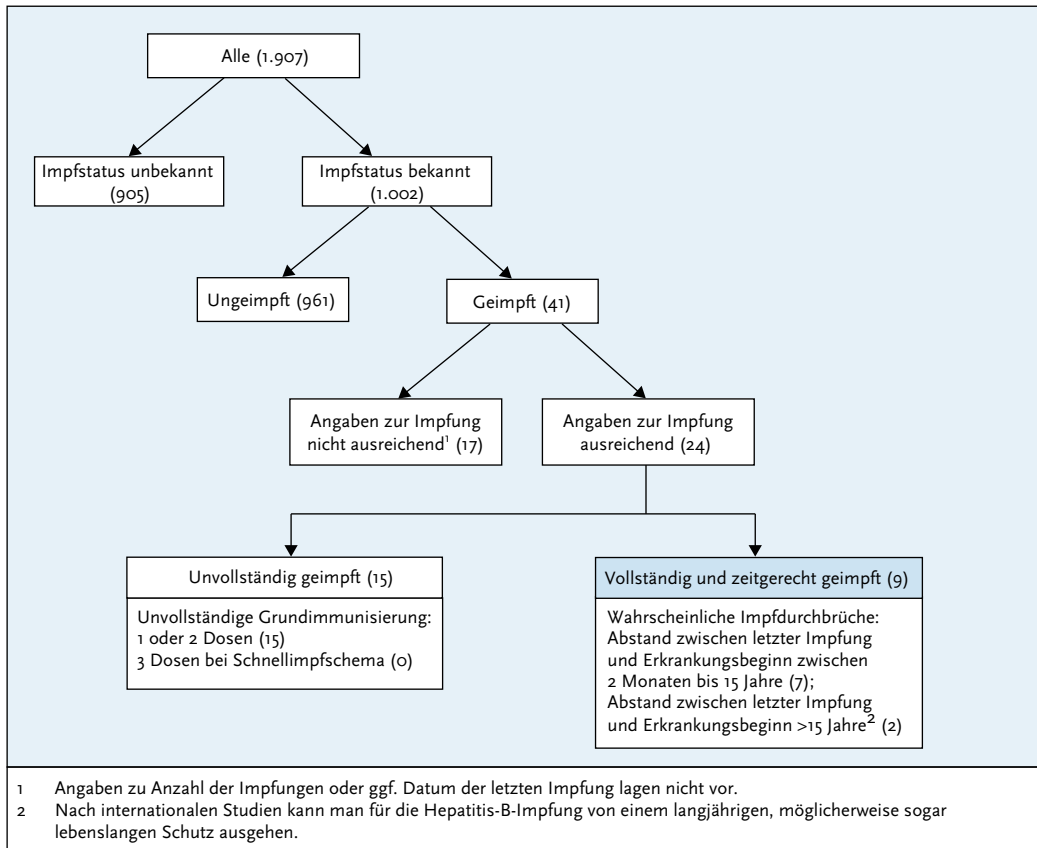
Fälle von akuter Hepatitis B, bei denen Kriterien des klinischen Bildes nicht erfüllt oder nicht ermittelbar waren, wurden durch die bis einschließlich 2014 geltende Referenzdefinition, welche die Kriterien des klinischen Bildes zusätzlich zu einem labordiagnostischen Nachweis forderte, nicht in die Auswertung einbezogen. Dies gilt auch teilweise für 2015, da nicht in allen Gesundheitsämtern die neuen Falldefinitionen zur gleichen Zeit implementiert wurden, sodass auch im Jahr 2015 eine erhebliche Anzahl der Fälle nach der alten Falldefinition erfasst und übermittelt wurde (siehe auch Abschnitt *Falldefinition*).

Fazit

Zwischen 2001 und 2009 wurde ein Rückgang der übermittelten akuten Hepatitis-B-Virus-Infektionen beobachtet, der vermutlich vorwiegend auf einen verbesserten Impfschutz durch die Einführung der generellen Impfpflicht für Säuglinge im Jahr 1995 zurückzuführen ist. Dieser Trend stagniert mit geringen Schwankungen seit 2009.

Mit Änderung der Fall- und Referenzdefinition im Jahr 2015 ist eine starke Zunahme der Fallzahlen zu verzeichnen. Dabei ist in Bundesländern mit besonders hoher Inzidenz eine frühzeitige Umsetzung der neuen Falldefinition erfolgt. Wenngleich ein Anstieg durch zusätzliche Zählung von Infizierten ohne oder mit unklarer klinischer Symptomatik vorab antizipiert wurde, sind weitere Einflussgrößen in die Überlegungen einzubeziehen. Die Zunahme der Fälle, die in die Falldefinitions-kategorie E fallen, könnte auf vermehrtes Testen hinweisen. Gerade in Ländern mit besonders hohen Inzidenzen bzw. starkem Anstieg wie in Bayern, Hessen, Sachsen-Anhalt und Sachsen ist das vermehrte Testen von Asylsuchenden zu berücksichtigen, welche auch aus Regionen mit hoher Hepatitis-B-Prävalenz migrieren. Nicht genau quantifizierbar ist, in welchem Umfang der Anstieg der Änderung der Falldefinition, dem vermehrten Testen von z. B. Asylsuchenden oder einem tatsächlichen Anstieg zuzuschreiben ist. Hinzu kommen mögliche Doppelmeldungen, da in Ermangelung eines festen Wohnortes von Asylsuchenden die Zuordnung von Testergebnissen erschwert sein könnte. Es kann nicht beurteilt werden, ob es sich ausschließlich um akute Fälle handelt, da die Labordiagnostik eine solche Diffe-

Abb. 6.17.4:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Impfstatus, Deutschland, 2015 (n=1.907)



renzung nicht immer zulässt, sodass chronische Fälle auch in Anbetracht begrenzter Recherchemöglichkeiten die übermittelten Zahlen einmal ansteigen können. Der zeitliche Verlauf der nächsten Jahre wird die Interpretierbarkeit der Meldedaten erhöhen, da die Vergleichbarkeit bei einheitlichen Kriterien von Fall- und Referenzdefinitionen dann wieder hergestellt ist.

Ähnlich den Vorjahren war die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen, mit jeweiligem Inzidenzgipfel im jüngeren Erwachsenenalter, wobei sich die Altersverteilung der Männer im Vergleich zum Vorjahr hin zu jüngeren Erwachsenen und Jugendlichen deutlich verschob. Demgegenüber blieb die Altersverteilung der Frauen

ähnlich. Die Inzidenzgipfel und angegebenen Expositionen deuten an, dass die sexuelle Übertragung wie in den Vorjahren den bedeutsamsten Transmissionsweg darstellt.

Der Häufigkeitsgipfel bei den 15- bis 19-jährigen, männlichen Jugendlichen weist auf eine unzureichende Umsetzung der Hepatitis-B-Impfempfehlung für Säuglinge samt Nachholimpfung für Jugendliche im Alter bis 18 Jahren hin. Wegen des häufig symptomarmen Verlaufs im Kindesalter ist anzunehmen, dass ein unbestimmter Anteil von Infektionen nicht frühzeitig diagnostiziert und gemeldet wird.

Angaben zum Geburtsland werden nur bei Asylsuchenden erhoben und können erst seit Ende

2015 übermittelt werden, sodass der Anteil neudagnostizierter Hepatitis-B-Virus-Infektionen bei Personen aus Hochprävalenzregionen unbekannt ist. Vermutlich stellt diese Gruppe einen erheblichen Anteil der Betroffenen in Deutschland, sodass hier Verbesserungsbedarf bei der Fallfindung, Prävention und Behandlung besteht. Es wird dringend empfohlen, alle Säuglinge, Kinder und Jugendliche sowie weitere definierte Risikogruppen konsequent zu impfen, insbesondere bei Sexualverhalten mit hoher Infektionsgefährdung oder injizierendem Drogengebrauch.

Literaturhinweise

- Wolffram I, Petroff D, Batz O, et al.: *Prevalence of elevated ALT values, HBsAg, and anti-HCV in the primary care setting and evaluation of guideline defined hepatitis risk scenarios.* J Hepatol 2015; 62:1256–1264.
- Diercke M, Monazahian M, Petermann H, et al.: *Hepatitis B outbreak in a nursing home associated with reusable lancet devices for blood glucose monitoring, Northern Germany 2010.* J Med Virol 2015; 87:583–588.
- an der Heiden M, Ritter S, Hamouda O, Offergeld R: *Estimating the residual risk for HIV, HCV and HBV in different types of platelet concentrates in Germany.* Vox Sang 2015; 108:123–130.
- Rieck T, Feig M, Eckmanns T, Benzler J, Siedler A, Wichmann O: *Vaccination coverage among children in Germany estimated by analysis of health insurance claims data.* Hum Vaccin Immunother 2014; 10:476–84.
- Heidrich B, Cetindere A, Beyaz M, et al.: *High prevalence of hepatitis markers in immigrant populations: a prospective screening approach in a real-world setting.* Eur J Gastroenterol Hepatol 2014; 26:1090–1097.
- WHO: *Guidelines for the prevention, care and treatment of persons with chronic hepatitis B infection.* 2015. www.who.int/hiv/pub/hepatitis/hepatitis-b-guidelines/en/
- WHO: *Hepatitis B. Fact sheet Nr. 204t.* 2015. [/www.who.int/mediacentre/factsheets/fs204/en/](http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs204/en/)
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland, 2014.* Epid Bull 2016; 16:129–134.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut / Stand: August 2015.* Epid Bull 2015; 34:327–362.
- RKI: *Virushepatitis B und D im Jahr 2014.* Epid Bull 2015; 29:271–285.

6.18 Hepatitis C

Kurzbeschreibung

Die Hepatitis C ist eine weltweit beim Menschen vorkommende, durch Hepatitis-C-Viren (HCV) ausgelöste Leberentzündung, die parenteral übertragen wird. Ohne Therapie nimmt die Infektion in 50 bis 85 % der Fälle einen chronischen Verlauf, der nach Jahrzehnten eine Leberzirrhose oder ein Leberzellkarzinom verursachen kann. Es existiert kein Impfstoff gegen Hepatitis C. Aufgrund des meist unbekanntenen Infektionszeitpunktes ist die Identifizierung von Übertragungswegen oft schwierig.

Falldefinition

Da es sowohl labordiagnostisch als auch klinisch kaum möglich ist, akute und chronische HCV-Infektionen zu unterscheiden, werden alle neu diagnostizierten Infektionen in die Statistik aufgenommen. Fälle, bei denen ein früherer HCV-Labornachweis angegeben ist, werden ausgeschlossen. Daher beinhaltet die Gesamtheit der übermittelten Fälle einen erheblichen Anteil bereits chronischer Hepatitis-C-Fälle (im Sinne einer Virusreplikation von mehr als 6 Monaten).

Die Referenzdefinition basiert auf Fallmeldungen mit erstmaligem Labornachweis einer HCV-Infektion, unabhängig vom klinischen Bild, da die Mehrzahl der Neuinfektionen der Hepatitis C (ca. 75 %) asymptomatisch verläuft. (s. Tab. 6.18.1).

Die Falldefinition für Hepatitis C wurden zum 01.01.2015 bzgl. der Kriterien für den labordiagnostischen Nachweis geändert. Die bisherige Falldefinition, nach der der alleinige (bestätigte) Antikörpernachweis ausreichte, hat nach Einschätzung des RKI in einem unbestimmten Anteil der Fälle zu einer Meldung von bereits spontan ausgeheilten bzw. erfolgreich therapierten Infektionen sowie darüber hinaus zu einer unbekanntenen Zahl von Mehrfacherfassungen geführt. Die neue Falldefinition erfüllen nur noch Fälle mit einem direkten Erregernachweis (Nukleinsäurenachweis oder HCV-Core-Antigennachweis). In der Berichterstattung des RKI werden damit nur noch aktive Hepatitis-C-Virus-Infektionen analysiert. Es wird erwartet, dass die neue Falldefinition zu einer Abnahme der Fallzahlen führen wird.

Da im Jahr 2015 die Umstellung auf die neue Falldefinition in den Gesundheitsämtern nur schrittweise erfolgte, wurden Fälle zum Teil noch nach alter, im Laufe des Jahres aber zunehmend auch nach neuer Falldefinition übermittelt. Zwar wurde 2015 nur ein Drittel (1.446) aller übermittelten Hepatitis-C-Erstdiagnosen nach der neuen Falldefinition erfasst (s. Tab. 6.18.2), dennoch zeigt sich im Vergleich zum Vorjahr wie erwartet ein Abfall der Fallzahlen (s. Tab. 6.18.1). Weitere 1.957 Fälle (1.605 Fälle mit alleinigem HCV-Antikörper-Nachweis und 352 Fälle ohne nähere Angaben zur Art des Labornachweises) wären 2015 entfallen, wenn die Übermittlung aller Fälle nach neuer Falldefinition erfolgt wäre (s. Tab. 6.18.2). 284 Fälle wurden 2015 durch den HCV-Core-Antigennachweis labordiagnostisch bestätigt, der neu in die Falldefinition aufgenommen worden war, diese wären nach alter Falldefinition nicht übermittelt worden.

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2015 wurden insgesamt 4.887 Fälle von erstdiagnostizierter Hepatitis C übermittelt. Dies entsprach einer bundesweiten Inzidenz von 6,1 Erstdiagnosen pro 100.000 Einwohner. Damit war die ermittelte Inzidenz von Erstdiagnosen niedriger als die des Jahres 2014 (7,2) und als der Median der Jahre 2009 bis 2013 (6,4). Der zeitliche Verlauf wies keine Saisonalität auf.

Ab dem Jahr 2005 war ein abnehmender Trend der Inzidenz und der absoluten Fallzahlen von erstdiagnostizierter Hepatitis C zu verzeichnen, der sich seit dem Jahr 2009 verlangsamt hatte. Ab 2011 war die Inzidenz relativ stabil mit leichten Schwankungen. Nach einem Anstieg der Erstdiagnosen im letzten Jahr wurde im Vergleich dazu für das aktuelle Meldejahr ein deutlicher Abfall verzeichnet (s. Abb. 6.18.1).

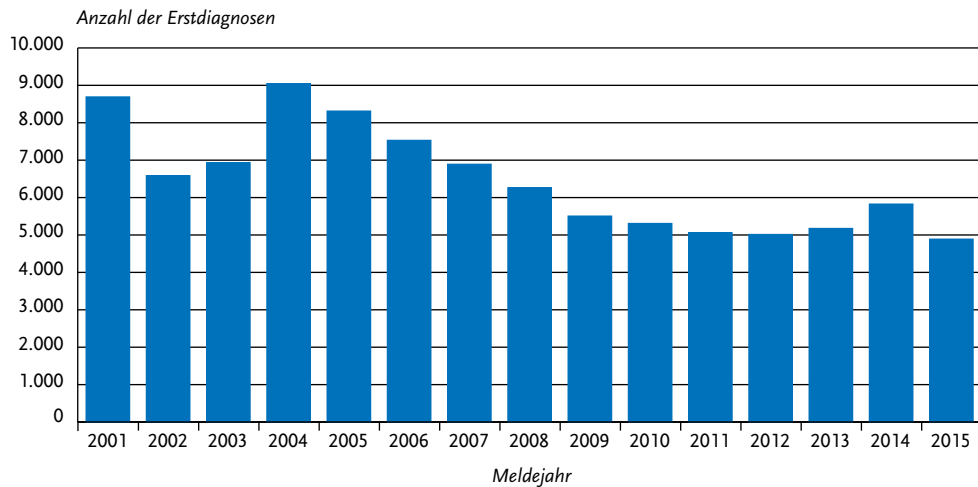
Tab. 6.18.1:
Übermittelte Hepatitis-C-Erstdiagnosen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labor diagnostisch (C)	1.817	31 %	1.301	27 %
labor diagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	2.006	34 %	1.418	29 %
labor diagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.001	34 %	2.168	44 %
alle	5.824	100 %	4.887	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	5.824	100 %	4.887	100 %

Tab. 6.18.2:
Hepatitis-C-Erstdiagnosen (Referenzdefinition, n=4.887); Auswirkung der Falldefinitionsänderung, Deutschland, 2015

	Falldefinition vor 2015	Falldefinition 2015
	Anzahl	Anzahl
Referenzdefinition (C+D+E)	3.441	1.446
davon mit Angabe zum Labornachweis	3.089	1.446
davon auch gemäß der jeweils anderen Falldefinition laborbestätigt	1.484	1.162
davon nur durch Nachweise laborbestätigt, die in Falldefinition 2015 entfallen sind	1.605	–
davon nur durch in Falldefinition 2015 hinzugekommene Nachweise laborbestätigt	–	284

Abb. 6.18.1:
Übermittelte Hepatitis-C-Erstdiagnosen, Deutschland, 2001 bis 2015



Geografische Verteilung

Der Vergleich der Inzidenzen der einzelnen Bundesländer ergab eine weite Inzidenzspanne: Die Inzidenzen variierten in den Bundesländern zwischen 1,5 Erstdiagnosen/100.000 Einwohner in Bremen und 12,4 in Berlin (s. Abb. 6.18.2). Über der bundesweiten Inzidenz von 6,1 lagen außerdem Rheinland-Pfalz (6,3), Sachsen (6,8), Hamburg (6,9), Hessen (7,8), Baden-Württemberg (7,9), Bayern (8,0) und Schleswig-Holstein (9,7). Vergleichsweise niedrige Inzidenzen von Erstdiagnosen fanden sich außer in Bremen auch in Brandenburg (2,5), Niedersachsen (3,0), Sachsen-Anhalt (3,1), Thüringen (3,4), dem Saarland (3,4), Mecklenburg-Vorpommern (3,6) und Nordrhein-Westfalen (3,9).

Ein Inzidenzanstieg im Jahr 2015 – verglichen mit dem Median der Jahre 2010 bis 2014 des jeweiligen Bundeslands – war in Schleswig-Holstein und Hessen sowie in geringem Maß auch in Rheinland-Pfalz und Mecklenburg-Vorpommern zu verzeichnen. In Schleswig-Holstein kann dieser Anstieg unter anderem auf eine Umstellung der Erfassungssoftware und damit einhergehende mögliche Mehrfachmeldungen bereits in früheren Jahren übermittelter Fälle zurückgeführt werden. In Hessen ist die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr (10,2) rückläufig. Rückläufige Inzidenzen der

Erstdiagnosen im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre des jeweiligen Bundeslandes fanden sich vor allem in Berlin und Bremen.

Es fanden sich bei 1.032 (21%) der gemäß Referenzdefinition übermittelten Erstdiagnosen Angaben zum möglichen Infektionsland. Deutschland wurde 777 Mal genannt (75% der Fälle mit Angaben zum Infektionsland). Die meisten Nennungen eines Landes außerhalb Deutschlands entfielen auf die Russische Föderation (n=25; 2,4%), Georgien (n=23; 2,2%), Ukraine (n=22; 2,2%), Pakistan (n=20; 1,9%), Kasachstan (n=14; 1,3%), Polen (n=11; 1,1%), Syrien (n=11; 1,1%), Weißrussland (n=11; 1,1%) und Rumänien (n=7; 0,7%).

Demografische Verteilung

Die Inzidenz in der männlichen Bevölkerung war mit 8,2 Erstdiag./100.000 Einw. wesentlich höher als in der weiblichen (3,9). Wie in den vorangegangenen Jahren lag der Häufigkeitsspitzen bei den Männern in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen (21,4). Bei den Frauen zeigte sich ein schwächer ausgeprägter Häufigkeitsspitzen ebenfalls in der Gruppe der 30- bis 39-Jährigen (7,6). Die Inzidenz der Erstdiagnosen war in dieser Altersgruppe bei Männern 2,8-mal höher als bei Frauen (s. Abb. 6.18.3).

Abb. 6.18.2:
 Übermittelte Hepatitis-C-Erstdiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=4.887) im Vergleich mit den Vorjahren

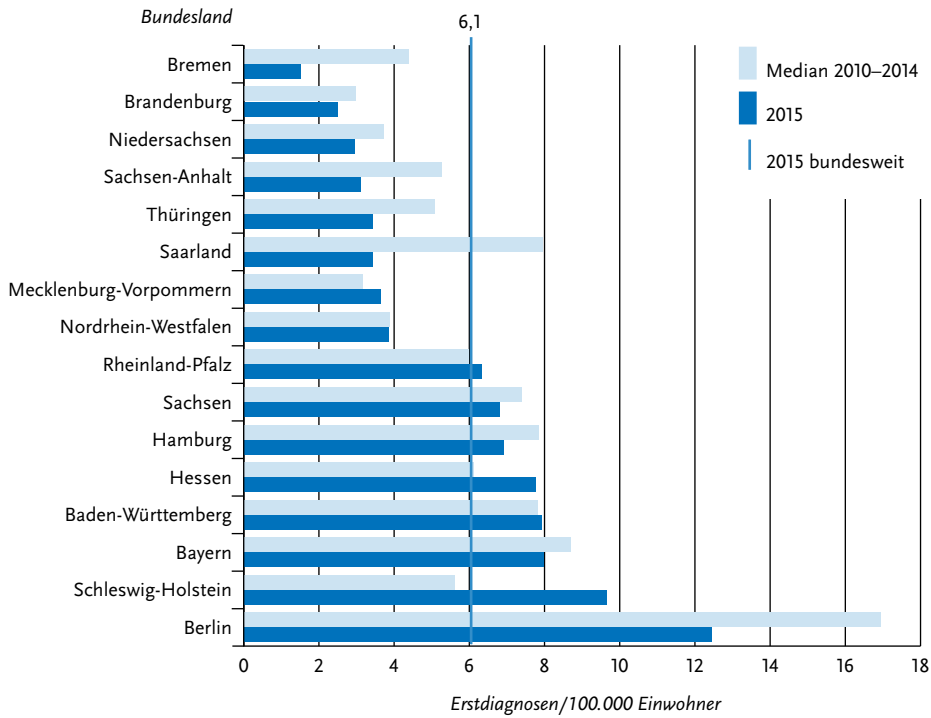
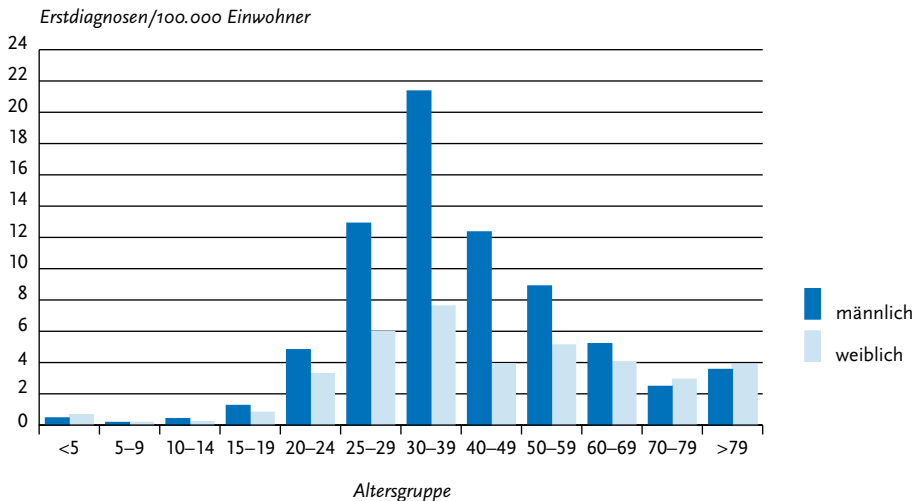


Abb. 6.18.3:
 Übermittelte Hepatitis-C-Erstdiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n= 4.855)



Die Inzidenz der Hepatitis-C-Erstdiagnosen im Kindesalter (unter 15 Jahren) war mit 0,3 Erstdiagn./100.000 Einw. (entsprechend 37 übermittelten Fällen) gering.

Infektionsrisiken

Bei 1.170 (23,9 %) Erstdiagnosen wurden Angaben zum Übertragungsweg gemacht. Mehrfachnennungen wurden auf den wahrscheinlichsten Übertragungsweg reduziert.

Intravenöser Drogengebrauch, der mit großer Wahrscheinlichkeit in kausalem Zusammenhang zur festgestellten Hepatitis C steht, wurde für 892 Fälle (76 % der Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg) übermittelt (2014: 1.267). Auf diesen Übertragungsweg entfielen 81 % der Angaben bei Männern (n=675) und 62 % der Angaben bei Frauen (n=187). Die nähere Spezifizierung »i. v.-Drogenkonsum in Haft« lag bei 4 % (n=28) der Männer und 2 % (n=4) der Frauen mit der Angabe »i. v.-Drogenkonsum« vor.

An zweiter Stelle steht die Übertragung in der Gruppe der Männer, die Sex mit Männern haben (n=95; 8,1 % aller Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg bzw. 11 % der Fälle bei Männern mit Angaben zum Übertragungsweg), darunter waren 22 Fälle mit einem bekannt HCV-positiven Partner und 73 Fälle mit unbekanntem Infektionsstatus des Partners. Heterosexueller Kontakt mit einem HCV-infizierten Partner wurde bei 71 Fällen (6,1 %) angegeben. Fälle mit der Angabe eines heterosexuellen Übertragungsweges ohne Kenntnis des Infektionsstatus des Partners wurden wegen des vergleichsweise ineffektiven heterosexuellen Übertragungsweges nicht ausgewertet.

Der Erhalt von Blutprodukten vor der Einführung der diagnostischen Testung von Blut und Blutprodukten im Jahr 1991 war bei 91 Fällen (7,8 %) der wahrscheinlichste Übertragungsweg. Bei Frauen war dieser Übertragungsweg mit 60 Fällen (20 %) der zweithäufigste.

Eine Übertragung durch Dialyse wurde bei 16 Fällen (1,4 %), und eine perinatale Übertragung bei 5 Fällen (0,4 %) als wahrscheinlicher Transmissionsweg angegeben.

Ausbrüche

Es wurden für das Jahr 2015 insgesamt 14 Verknüpfungen von jeweils 2 Fällen übermittelt; insgesamt mehr als im Vorjahr (7 Verknüpfungen).

Acht Verknüpfungen wurden zwischen Personen in privaten Haushalten, zwei Verknüpfungen zwischen Personen in Unterkünften für Asylsuchende berichtet. Bei 4 Verknüpfungen wurden keine Angaben zum Infektionsumfeld übermittelt.

Datenqualität

Die Bestimmung der Hepatitis-C-Inzidenz (im Sinne der Anzahl von Neuinfektionen pro Zeiteinheit) ist methodisch schwierig. Hepatitis-C-Virus-Infektionen verlaufen häufig unbemerkt oder werden erst viele Jahre nach der Infektion im Stadium der Spätfolgen diagnostiziert. Die übermittelten Hepatitis-C-Erstdiagnosen erlauben keinen direkten Rückschluss auf den Infektionszeitpunkt, da Infektion und Test zeitlich weit auseinander liegen können. Beides kann zu einer Unterschätzung von Neuinfektionen führen. Nach Änderung der Falldefinition zum 01.01.2015 werden nur noch Fälle mit Laborparametern, die für eine aktive HCV-Infektion sprechen, übermittelt. Dies ermöglicht eine Annäherung an die wahre Inzidenz von Neudiagnosen und mindert deren Überschätzung durch den Wegfall ausgeheilte bzw. erfolgreich therapierter Infektionen. Allerdings werden damit mögliche Fälle, die nach einem positiven Antikörper-Screening nicht der weiteren Diagnostik mittels direktem Erregernachweis zugeführt werden, nicht erfasst. Da sich die Therapieoptionen in den letzten Jahren sehr stark verbessert haben, ist jedoch davon auszugehen, dass in Deutschland die Diagnostik in den meisten Fällen vollständig durchgeführt wird. Derzeit bieten die übermittelten Hepatitis-C-Erstdiagnosen – ohne bessere Datenquellen zur Inzidenz – die bestmögliche Einschätzung des aktuellen Infektionsgeschehens. Allerdings sind die nach neuer Falldefinition übermittelten Fallzahlen nur bedingt mit den Fallzahlen der Vorjahre vergleichbar, so dass Trendauswertungen nur mit Einschränkungen möglich sind.

Angaben zum wahrscheinlichen Übertragungsweg lagen bei knapp einem Viertel der Fallmeldungen vor. Diese Angaben stammen in der Regel von behandelnden Ärzten oder den Betroffenen selbst. Es ist anzunehmen, dass gesellschaftlich stigmatisiertes Verhalten wie i. v.-Drogenkonsum und auch sexuelle Kontakte zwischen Männern untererfasst werden.

Fazit

Die Inzidenz übermittelter Hepatitis-C-Erstdiagnosen ist 2015 im Vergleich zum Vorjahr deutlich gesunken. Dabei muss jedoch der Wegfall der bisher übermittlungspflichtigen Fälle mit indirekten Erregernachweis im Rahmen der Änderung der Falldefinition zum 01.01.2015 sowie der hohe Anteil von Fällen mit fehlenden Angaben zum Labornachweis in den Vorjahren berücksichtigt werden. Wie auch in den Vorjahren lag die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen. Die Tatsache, dass Männer häufiger i. v.-Drogen konsumieren als Frauen und dies der am häufigsten berichtete Übertragungsweg ist, erklärt unter anderem die erheblich höhere Inzidenz erstdiagnostizierter Hepatitis C bei Männern. Seit 2003 ist Berlin das Bundesland mit der höchsten Inzidenz von erstdiagnostizierten Fällen. Mögliche Ursachen sind neben der vollständigeren Meldung und Übermittlung erstdiagnostizierter, teilweise bereits seit längerer Zeit infizierter (chronischer) Fälle vor allem der in großstädtischen Ballungszentren überdurchschnittlich hohe Anteil von Personen, die Risikogruppen wie i. v.-Drogenkonsumierenden und Männern, die Sex mit Männern haben, angehören.

Bei injizierenden Drogengebrauchenden ist die Inzidenz übermittelter Erstdiagnosen im Vergleich zum Vorjahr gesunken. Ein Grund dafür kann sein, dass nach alter Falldefinition häufig auch bereits ausgeheilte Infektionen übermittelt wurden, die die neue Falldefinition nicht erfüllen. Andererseits kann es sein, dass Drogengebrauchende zwar regelmäßig auf HCV-Antikörper gescreent werden, jedoch möglicherweise nicht einer weiterführenden Diagnostik zugeführt werden. Injizierende Drogengebrauchende sind jedoch weiter mit Abstand die größte Gruppe der Fälle mit einer Hepatitis-C-Erstdiagnose. Deshalb sollte in Deutschland der Prävention von Hepatitis C unter Drogenkonsumierenden sowie der Fallfindung, Diagnostik und Therapie in dieser Gruppe höchste Priorität zukommen.

Die Inzidenz übermittelter Erstdiagnosen durch sexuelle Kontakte zwischen Männern ist im Vergleich zum Vorjahr angestiegen. Damit bildet dieser Übertragungsweg erstmalig den am häufigsten genannten nach dem injizierenden Drogengebrauch. Da nur noch aktive, virämische Infektionen der neuen Falldefinition entsprechen,

gibt dieser Umstand einen Hinweis auf ein hohes aktuelles Infektionsgeschehen in dieser Gruppe. Informationen zu Ko-Infektionen werden im Rahmen des IfSG nicht erhoben, es ist aber anzunehmen, dass es zu einer sexuellen Übertragung von Hepatitis C insbesondere bei zugrunde liegender HIV-Infektion kommt. Auch werden nicht regelmäßig Angaben zu mehrfachen Infektionsrisiken (wie i. v.-Drogengebrauch und sexuelle Übertragung) übermittelt, und können deshalb nicht systematisch ausgewertet werden. Auf das Risiko der sexuellen Übertragung durch verletzungsträchtige Sexualpraktiken, der Übertragung durch Drogenkonsum im sexuellen Kontext oder bei besonderer Vulnerabilität durch das Vorbestehen von Ko-Infektionen (wie z. B. HIV) bei entsprechenden Gruppen sollte weiter verstärkt aufmerksam gemacht, regelmäßig auf HCV und andere sexuell übertragene Infektionen getestet und infizierte Personen einer Therapie zugeführt werden.

Zwar können die Angaben zum Infektionsland als Annäherung an die Schätzung von Hepatitis-C-Erstdiagnosen bei Personen aus Ländern mit einer höheren Hepatitis-C-Prävalenz dienen, jedoch besteht eine wesentliche Einschränkung bei der Interpretation der gemeldeten Hepatitis-C-Fälle darin, dass gemäß IfSG bei Hepatitis C keine Angaben zum Migrationsstatus oder Herkunftsland übermittelt werden können. Der Anteil neu diagnostizierter Hepatitis-C-Fälle bei Personen aus Hochprävalenzregionen ist unbekannt. Es ist anzunehmen, dass diese Gruppe einen größeren Anteil der an Hepatitis C Erkrankten in Deutschland stellt und dass hier Verbesserungsbedarf bei der Fallfindung, Prävention und Behandlung besteht.

Literaturhinweise

- Wolfram I, Petroff D, Batz O, et al.: *Prevalence of elevated ALT values, HBsAg, and anti-HCV in the primary care setting and evaluation of guideline defined hepatitis risk scenarios.* J Hepatol 2015; 62:1256–1264.
- an der Heiden M, Ritter S, Hamouda O, Offergeld R: *Estimating the residual risk for HIV, HCV and HBV in different types of platelet concentrates in Germany.* Vox Sang 2015; 108:123–130.
- Boesecke C, Rockstroh JK: *How will we manage acute HCV in men having sex with men in the era of all oral therapy?* J Viral Hepat 2015; 22:2–7.
- Heidrich B, Cetindere A, Beyaz M, et al.: *High prevalence of hepatitis markers in immigrant populations: a prospective*

screening approach in a real-world setting. Eur J Gastroenterol Hepatol 2014; 26:1090–1097.

WHO (2016) *Guidelines for the screening, care and treatment of persons with chronic hepatitis C infection. Updated version.* <http://www.who.int/hepatitis/publications/hepatitis-c-guidelines-2016/en/>.

WHO (2016) *Technical considerations and case definitions to improve surveillance for viral hepatitis. Technical report.* <http://www.who.int/hepatitis/publications/hepatitis-c-guidelines-2016/en/>.

RKI: *Auswirkungen der Falldefinitionsänderungen auf die Fallzahlen von Hepatitis B und Hepatitis C im Jahr 2015.* Epid Bull 2015; 49:528.

RKI: *Hepatitis C im Jahr 2014.* Epid Bull 2015; 30:289–299.

6.19 Hepatitis D

Kurzbeschreibung

Das Hepatitis-D-Virus benötigt für die Infektion die Hülle des Hepatitis-B-Virus. Hepatitis D tritt somit stets zusammen mit Hepatitis B auf und führt in 70 bis 90 % der Fälle zu schweren chronischen Verläufen.

Falldefinition

Die Falldefinition wurde ab dem Jahr 2015 dahingehend geändert, dass nur noch der direkte Erregernachweis die Kriterien für den labor diagnostischen Nachweis erfüllt. Eine weitere Änderung betrifft die Referenzdefinition. Fälle, bei denen das

Tab. 6.19.1:
Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015.
Für 2015 zusätzlich differenziert nach Version der Falldefinition bei Erfassung

Kategorie	2014		2015 gesamt		Falldefinition vor 2015		Falldefinition 2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labor diagnostisch (C)	17	29 %	15	38 %	13	38 %	2	33 %
labor diagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	28	48 %	11	28 %	10	29 %	1	17 %
labor diagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	13	22 %	14	35 %	11	32 %	3	50 %
alle	58	100 %	40	100 %	34	100 %	6	100 %
Referenzdefinition	C		C, C+D+E		C		C+D+E	
	17	29 %	19	48 %	13	38 %	6	100 %

Tab. 6.19.2:
Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen (Referenzdefinition, n=19); Auswirkung der Falldefinitionsänderung,
Deutschland, 2015

	Falldefinition vor 2015	Falldefinition 2015
	Anzahl	Anzahl
Referenzdefinition	13	6
davon mit Angabe zum Labornachweis	9	6
davon auch gemäß der jeweils anderen Falldefinition laborbestätigt	6	6
davon nur durch Nachweise laborbestätigt, die in Falldefinition 2015 entfallen sind	3	–
davon nur durch in Falldefinition 2015 hinzugekommene Nachweise laborbestätigt	–	–

klinische Bild unbekannt oder nicht erfüllt ist (Falldefinitionskategorien D und E), entsprachen nach der alten Falldefinition nicht der Referenzdefinition und wurden daher in diesen Statistiken nicht veröffentlicht. Da eine klinische Symptomatik bei Hepatitis-D-Virus-Infektionen nicht immer gegeben ist, wurde mit der neuen Falldefinition die Referenzdefinition um diese Fälle erweitert (siehe Tab. 6.16.1). Von den Hepatitis-D-Fällen, die die Referenzdefinition erfüllen, wurden 13 noch nach der alten Falldefinition erfasst und übermittelt, wobei für 3 Erkrankungen die Laborbestätigung über einen indirekten serologischen Nachweis erfolgte, der in der neuen Falldefinition nicht mehr enthalten ist (Tab. 6.19.2).

Situation in Deutschland

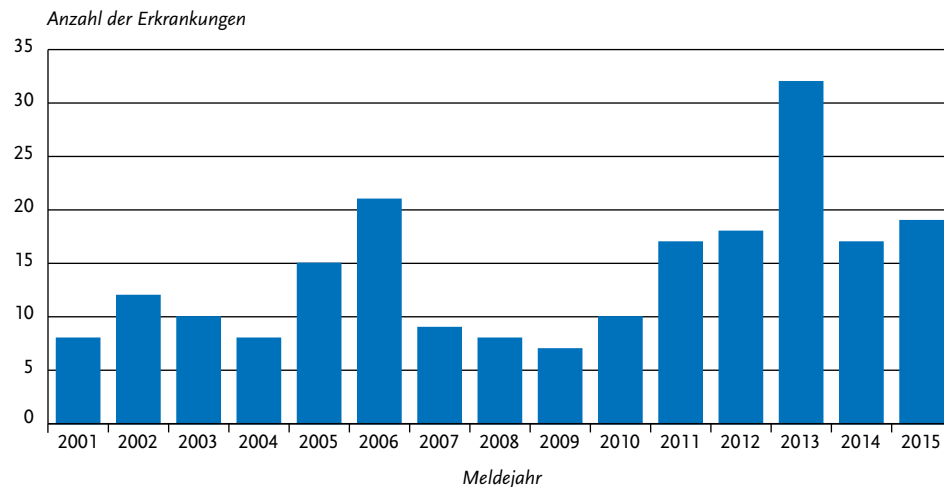
Im Jahr 2015 wurden 19 Hepatitis-D-Virus-Infektionen übermittelt (s. Abb. 6.19.1). Die 19 Fälle kamen aus 9 Bundesländern (ein bis 8 Fälle). Bei 9 Infektionen wurden Angaben zum möglichen Infektionsland gemacht. In 6 Fällen wurde Deutschland als mögliches Infektionsland genannt. Die Türkei, Kasachstan und Pakistan wurden jeweils einmal angegeben. Von den 19 Hepatitis-D-Fällen waren 15 (79%) Männer und 4 Frauen. Die meisten Fälle wurden bei den 40- bis 49-Jährigen (9 Fälle) übermittelt.

Im Jahr 2015 wurden damit ähnlich viele Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen, übermittelt wie im Vorjahr (17) und in den Jahren 2011 (17) bzw. 2012 (18), aber weniger als im Jahr 2013 (32). Im Gegensatz zur Hepatitis-B-Virus-Infektion macht sich die Erweiterung der Referenzdefinition für die Hepatitis-D-Virus-Infektion nicht so stark bemerkbar (vgl. Kapitel 6.17 Hepatitis B), da nur 6 von 40 übermittelten Fällen nach der neuen Falldefinition erfasst und damit nach der neuen Referenzdefinition gezählt wurden.

Literaturhinweise

- Heidrich B, Manns MP, Wedemeyer H: *Treatment options for hepatitis delta virus infection*. *Curr Infect Dis Rep* 2013; 15:31–38.
- Bissinger AL, Berg CP: *Is the HDV seroprevalence in patients admitted to a university hospital representative for all HBV carriers in Germany?* *Infection* 2013; 41:1031–1032.
- Reinheimer C, Doerr HW, Berger A: *Hepatitis delta: on soft paws across Germany*. *Infection* 2012; 40:621–625.
- WHO: *Hepatitis D. Incidence / Epidemiology*. 2015; www.who.int/csr/disease/hepatitis/whocdscsrncs2011/en/index4.html
- RKI: *Virushepatitis B und D im Jahr 2014*. *Epid Bull* 2015; 29:271–285.

Abb. 6.19.1:
Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015



6.20 Hepatitis E

Kurzbeschreibung

Hepatitis E wird durch das Hepatitis-E-Virus verursacht und tritt als akut verlaufende Leberentzündung weltweit auf. In Europa und anderen westlichen Industriestaaten stellt die Übertragung vom Tier (z. B. Wild- und Hausschwein) über tierische Lebensmittel auf den Menschen den sehr wahrscheinlich wichtigsten Infektionsweg dar. In den Ländern Südost- und Zentralasiens, im Nahen Osten, in Nord- und Westafrika sowie in Mittel-

amerika (z. B. Mexiko) spielt mit menschlichen Fäkalien verunreinigtes Trinkwasser eine bedeutende Rolle.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.20.1).

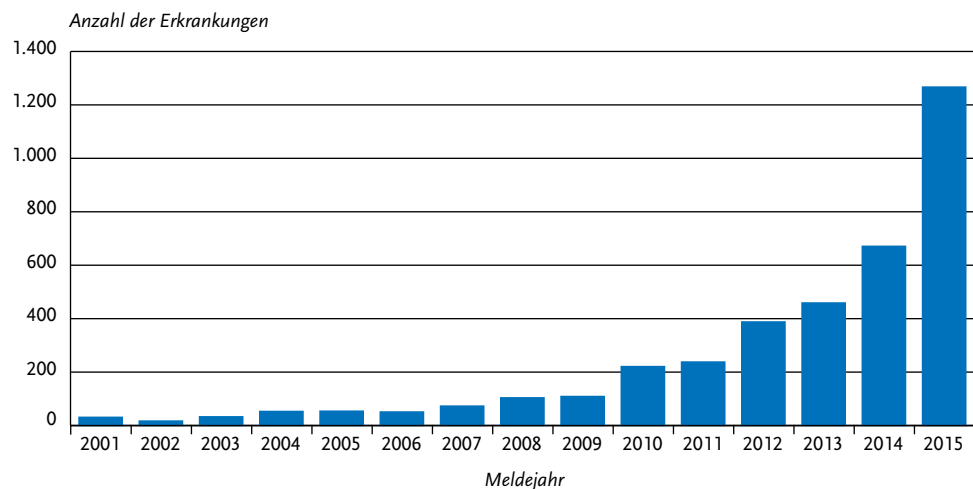
Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden dem RKI insgesamt 1.267 Hepatitis-E-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Gegenüber dem Vorjahr (671 Er-

Tab. 6.20.1:
Übermittelte Hepatitis-E-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	0%	2	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	670	80%	1.265	74%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	81	10%	199	12%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	88	10%	255	15%
alle	840	100%	1.721	100%
Referenzdefinition (B+C)	671	80%	1.267	74%

Abb. 6.20.1:
Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015



krankungen) entspricht dies einer Zunahme um 89%. Damit setzt sich der steigende Trend der letzten Jahre mit hoher Dynamik fort (s. Abb. 6.20.1). Die bundesweite Inzidenz betrug 1,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Eine Saisonalität war nicht klar erkennbar.

Geografische Verteilung

Es wurden aus allen Bundesländern akute Hepatitis-E-Erkrankungen übermittelt. Inzidenzen über dem bundesweiten Mittelwert wurden in den Bundesländern Sachsen-Anhalt (3,2 Erkr./100.000 Einw.), Sachsen (3,1), Mecklenburg-Vorpommern (2,8), Thüringen (2,6), Brandenburg (2,4), Rheinland-Pfalz (2,2), Berlin (2,0), dem Saarland und Hamburg (jeweils 1,7) beobachtet.

Bei 739 Erkrankten wurden Angaben zum möglichen Infektionsland gemacht (s. Tab. 6.20.2). Von den 759 Nennungen entfielen 80% auf Deutschland. Dieser Anteil ist gegenüber dem Vorjahr (84%) etwas zurückgegangen.

Demografische Verteilung

Hepatitis-E-Erkrankungen traten hauptsächlich im Erwachsenenalter auf. Dabei entfielen 969 der übermittelten Erkrankungen (77%) auf die Altersgruppe der 40- bis 79-jährigen. Mit 768 Erkrank-

Tab. 6.20.2:

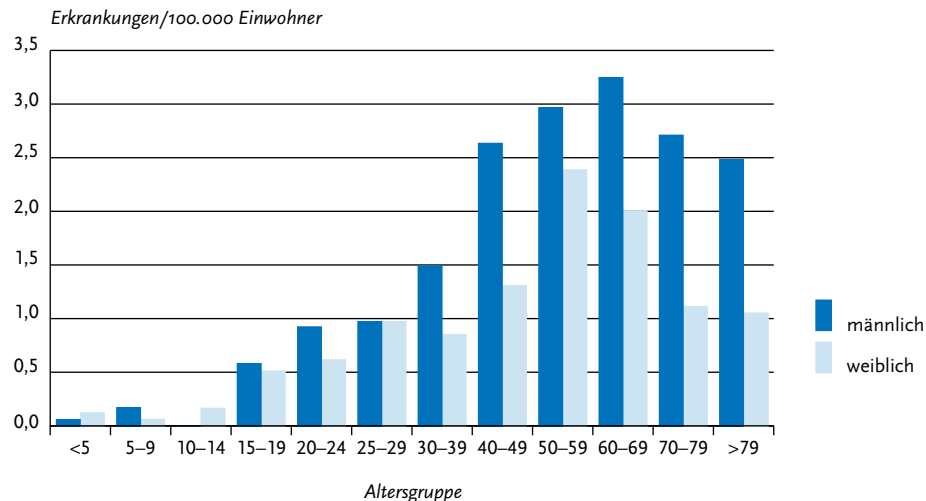
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-E-Erkrankungen, Deutschland, 2015 (Mehrfachnennungen möglich, 739 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	608	80%
Spanien	27	4%
Türkei	16	2%
Frankreich	8	1%
Italien	8	1%
Indien	6	1%
Griechenland	5	1%
Kroatien	5	1%
Andere	76	10%
Summe	759	100%

kungen waren Männer (61%) deutlich häufiger betroffen als Frauen. Die höchste Inzidenz (3,2 Erkr./100.000 Einw.) wurde bei den 60- bis 69-jährigen Männern beobachtet (s. Abb. 6.20.2).

Abb. 6.20.2:

Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland 2015 (n=1.266)



Klinische Aspekte

Es wurden 5 Todesfälle im Zusammenhang mit einer Hepatitis-E-Virus-Erkrankung übermittelt. Betroffen waren 2 Frauen und 3 Männer im Alter von 44 bis 84 Jahren.

Ausbrüche

Im Jahr 2015 wurden 6 Hepatitis-E-Ausbrüche mit insgesamt 14 Erkrankten übermittelt.

Fazit

Die Hepatitis E wurde in Deutschland in den letzten Jahren zunehmend häufiger diagnostiziert und gemeldet, was wahrscheinlich auf eine erhöhte Aufmerksamkeit der Ärzte und häufigeres Testen zurückzuführen ist. Neben vermehrter Diagnosestellung kommt jedoch auch eine tatsächliche Zunahme der Erkrankungen in Deutschland in Betracht.

Literaturhinweise

- Schielke A, Ibrahim V, Czogiel I, et al.: *Hepatitis E virus antibody prevalence in hunters from a district in Central Germany, 2013: a cross-sectional study providing evidence for the benefit of protective gloves during disembowelling of wild boars*. BMC Infect Dis 2015; 15:440.
- Szabo K, Trojnar E, Anheyer-Behmenburg H, et al.: *Detection of hepatitis E virus RNA in raw sausages and liver sausages from retail in Germany using an optimized method*. Int J Food Microbiol 2015; 215:149–56.
- Pauli G, Aepfelbacher M, Bauerfeind U, et al.: *Hepatitis-E-Virus*. Bundesgesundheitsbl-Gesundheitsforsch-Gesundheitsschutz 2015; 58:198–218.
- Faber MS, Wenzel JJ, Jilg W, et al.: *Hepatitis E virus seroprevalence among adults, Germany*. Emerg Infect Dis 2012; 18:1654–1657.
- Lewis HC, Wichmann O, Duizer E: *Transmission routes and risk factors for autochthonous hepatitis E virus infection in Europe: A systematic review*. Epidemiol Infect 2010; 138:145–166.
- Wichmann O, Schimanski S, Koch J, et al.: *Phylogenetic and Case-Control Study on Hepatitis E Virus Infection in Germany*. J Infect Dis 2008; 198:1732–1741.
- RKI: *Hepatitis-E-Virus-Infektion aus virologischer Sicht*. Epid Bull 2015; 15:119–127.

6.21 HIV-Infektion**Kurzbeschreibung**

Die Infektion mit dem Humanen Immundefizienz-Virus (HIV) ist unbehandelt durch einen fortschreitenden Verlust der Immunabwehr gekennzeichnet. HIV führt zu einer chronischen Infektion, die lebenslang bestehen bleibt. Nach einer symptomarmen Latenzzeit, die bei Unbehandelten im Mittel zehn bis zwölf Jahre dauert, treten gehäuft sogenannte opportunistische Infektionen und verschiedene Krebsarten auf, die das Vollbild des Acquired Immunodeficiency Syndrome (erworbenes Immundefektsyndrom, AIDS) kennzeichnen.

Übertragen wird HIV durch ungeschützten Geschlechtsverkehr (Analverkehr, Vaginalverkehr, selten orogenitale Kontakte), Einbringung von erregerhaltigem Blut oder Blutprodukten in die Blutbahn (Gebrauch von Spritzbestecken durch mehrere Personen – »Nadeltausch« bei i.v.-Drogengebrauchern, Transfusion von kontaminierten Blutkonserven oder Gerinnungspräparaten) sowie prä-, peri- oder postnatal (durch Stillen) von der infizierten Mutter auf ihr Kind.

Das Fortschreiten der Erkrankung kann durch eine antiretrovirale Therapie aufgehalten werden, wenn dadurch die Virusvermehrung wirksam blockiert wird. Darüber hinaus wird auch das HIV-Übertragungsrisiko durch eine wirksame antiretrovirale Therapie (messbare Viruslast < 50 Kopien/ml) so drastisch reduziert, dass bei sexuellen Kontakten, Nadelstichverletzungen und unter der Geburt eine Nichtübertragbarkeit erreicht werden kann.

Fallkriterien

Gemäß § 7 Abs. 3 IfSG muss der direkte (Virusanzucht, NAT) oder indirekte (HIV-AK) Nachweis von HIV gemeldet werden. Alle Meldungen beziehen sich daher auf labordiagnostisch gesicherte Nachweise der HIV-Infektion. Bis 2004 wurden nur Meldungen über bestätigt positive HIV-Antikörpertests in die Statistik aufgenommen, bei denen angegeben war, dass es sich nach Kenntnis des Labors oder des diagnostizierenden Arztes um eine Erstdiagnose handelte. Seit 2005 wurden zusätzlich – auch retrospektiv – solche Fälle mit aufgenommen, bei denen diese Angabe fehlte, dafür

aber ein negativer HIV-AK-Test im Jahr 2001 oder später angegeben wurde und bei einem Abgleich mit den gemeldeten Fällen keine frühere Meldung identifizierbar war (seit 2001 besteht die Möglichkeit, anhand der fallbezogenen Verschlüsselung und weiterer Parameter Mehrfachmeldungen zu erkennen; s. Datenqualität). Seit Veröffentlichung einer neuen HIV-Diagnostikleitlinie im Juli 2015 gelten Fälle auch dann als bestätigt, wenn anstelle eines Antikörper-basierten Bestätigungstestes eine Viruslast von mindestens 1000 Kopien/ml mit einem NAT-basierten Verfahren nachgewiesen wurde.

Zeitlicher Verlauf

Dem RKI wurden 3.674 HIV-Infektionen gemeldet, die im Jahr 2015 neu diagnostiziert wurden. Dies entspricht einer bundesweiten Inzidenz von 4,5 Fällen pro 100.000 Einwohner. Die Gesamtzahl der neudiagnostizierten HIV-Infektionen ist damit gegenüber dem Jahr 2014 (3.500) um 5,0% angestiegen (s. Abb. 6.21.1). Auch die Gesamtzahl aller HIV-Meldungen, die das RKI erreichten, hat sich gegenüber dem Vorjahr erhöht, während die Zahl der Meldungen, bei denen nicht eruiert werden konnte, ob es sich um Neudiagnosen oder Mehrfachmeldungen handelt, nahezu gleich geblieben ist (s. Datenqualität und Fazit). Die Zahl

der in Deutschland erworbenen HIV-Infektionen ist dabei jedoch leicht zurückgegangen, während die Zahl der wahrscheinlich im Ausland erworbenen HIV-Infektionen zugenommen hat. Die Veränderungen in der Verteilung der Meldungen auf Bundesländer und nach Infektionsrisiken stehen mit dieser Entwicklung in direktem Zusammenhang (s. Geografische Verteilung und Infektionsrisiken).

Geografische Verteilung

Die höchste Inzidenz der HIV-Erstdiagnosen fand sich in den Stadtstaaten Hamburg (12 Fälle pro 100.000 Einwohner), Berlin (11) und Bremen (8,2) (s. Abb. 6.21.2). Großstädte wie Frankfurt/Main, München, Köln, Düsseldorf, Stuttgart, Mannheim, Leipzig und Dresden wiesen ähnlich hohe Inzidenzen wie die Stadtstaaten auf (s. Abb. 6.21.3). Im Vergleich mit dem Median der Inzidenz der 5 Vorjahre stieg die Inzidenz insbesondere in den Bundesländern Bremen, Hamburg, Sachsen, Bayern, Rheinland-Pfalz, Sachsen-Anhalt und Hessen an. Unter den genannten Bundesländern wurde ein kontinuierlicher Anstieg der Erstdiagnosen mit Infektionsort in Deutschland über die vergangenen fünf Jahre jedoch nur in Sachsen, Baden-Württemberg, Hessen und Rheinland-Pfalz verzeichnet. Eine Zunahme von im Ausland erworbenen

Abb. 6.21.1
Gemeldete HIV-Erstdiagnosen, Deutschland, 2001 bis 2015

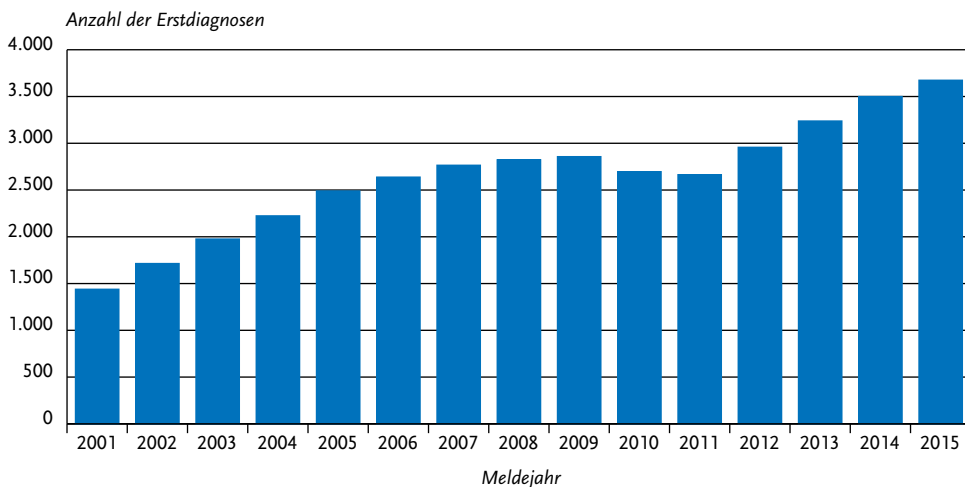
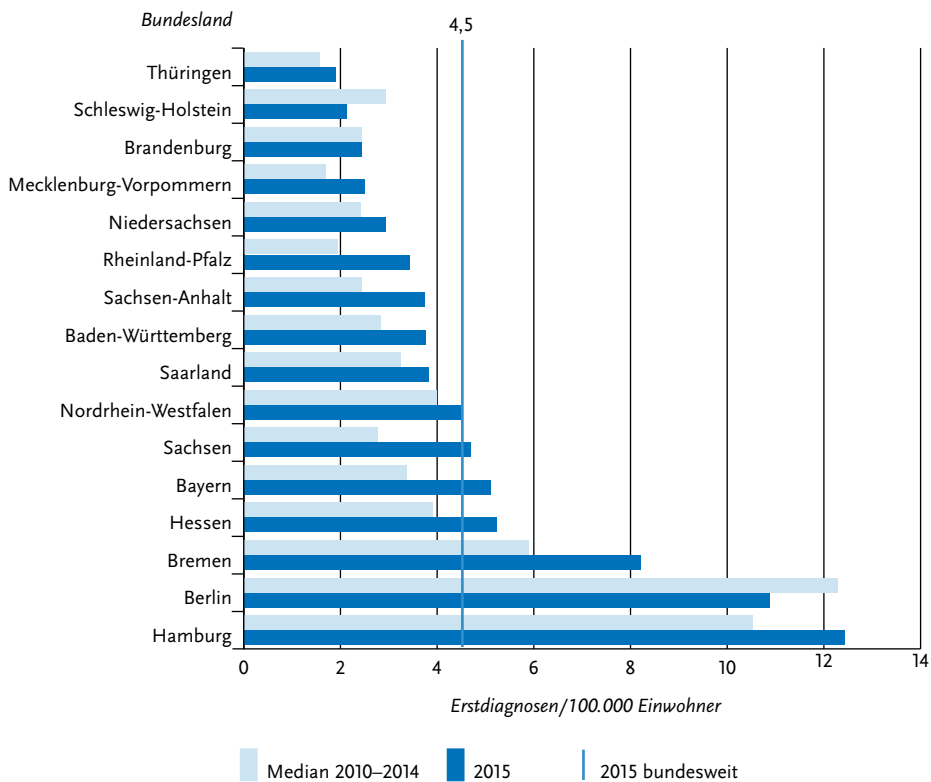


Abb. 6.21.2:
Gemeldete HIV-Erstdiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=3.674) im Vergleich mit den Vorjahren



HIV-Infektionen wurde dagegen von 2012 bis 2014 in fast allen Bundesländern beobachtet, von 2014 nach 2015 in der Hälfte der Bundesländer. Unterschiede zwischen den Bundesländern könnten dabei zu großen Teilen durch unterschiedliche Testpolitik und Testangebote für Migranten bedingt sein. In den beiden Bundesländern Bayern und Sachsen-Anhalt überstieg die Zahl der im Jahr 2015 diagnostizierten, im Ausland erworbenen HIV-Infektionen die Zahl der neudiagnostizierten, in Deutschland erworbenen Infektionen.

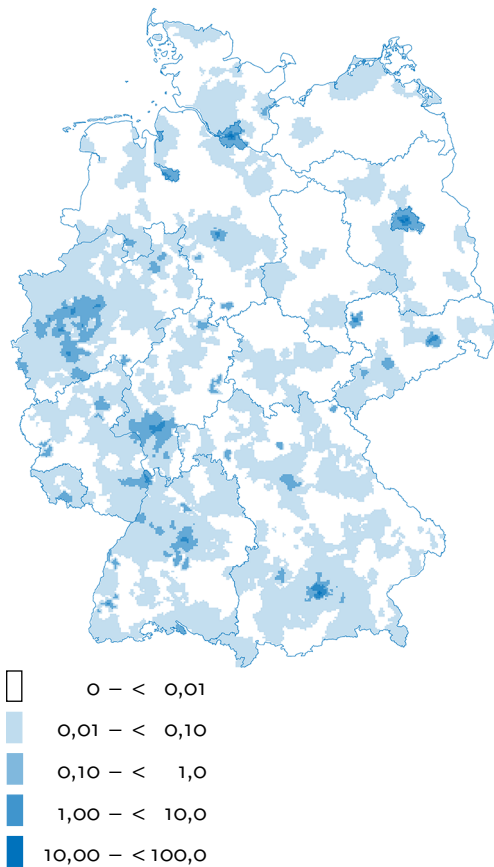
Demografische Verteilung

Die Inzidenz der neudiagnostizierten HIV-Infektionen lag in der männlichen Bevölkerung mit 7,4 Fällen pro 100.000 Einwohner höher als im Vorjahr (7,2) und deutlich höher als bei Frauen, bei

denen die Inzidenz mit 1,8 gegenüber 1,6 im Vorjahr ebenfalls anstieg. Der Anteil der Frauen unter den HIV-Erstdiagnosen betrug 20% und ist damit weiter leicht angestiegen.

Bei Männern wie bei Frauen wiesen die Altersgruppen der 25- bis 29-Jährigen und der 30- bis 39-Jährigen mit nur geringen Abstufungen die höchsten Inzidenzen von HIV-Erstdiagnosen auf. Bei Männern wurden in diesen Altersgruppen Inzidenzen von 18 und 19 Fällen pro 100.000 Männer erreicht, bei Frauen lagen die Inzidenzen bei 5,5 und 6,0. In den beiden angrenzenden jüngeren (20 bis 24 Jahre) und höheren (40 bis 49 Jahre) Altersgruppen war die Inzidenz bei Männern fast gleich hoch (11 Fälle pro 100.000 Einwohner), bei Frauen war sie in der jüngeren Altersgruppe mit 3,9 pro 100.000 Einwohner mehr als doppelt

Abb. 6.21.3:
Gemeldete HIV-Erstdiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Postleitzbereich (geglättet), Deutschland, 2015 (n= 3.674)



so hoch wie in der höheren Altersgruppe (1,8) (s. Abb. 6.21.4).

Nachgewiesene Erreger

Fast alle gemeldeten Fälle waren auf Infektionen mit HIV-1 zurückzuführen. Es wurden 13 Infektionen mit HIV-2 (0,4 %) neu diagnostiziert.

Verteilung nach Herkunftsland und Infektionsland

Für 3.465 Fälle (94 %) lagen Angaben zu Herkunftsland und für 3.372 (92 %) Angaben zum Infektionsland vor: Der Anteil der HIV-Neudiagno-

sen mit Angaben zum Infektionsort, bei denen Deutschland als Infektionsland angegeben wurde, ist von 69 % im Jahr 2014 auf 66 % (2.217 von 3.674) gesunken. Der Anteil der Meldungen mit einem Infektionsland außerhalb Deutschlands stieg von 25 auf 29 %.

Für 815 von 836 (97 %) der im Jahr 2015 in Deutschland diagnostizierten, von Nichtdeutschen im Ausland erworbenen HIV-Infektionen liegen Angaben zum Herkunftsland vor. Unter denjenigen mit Herkunftsangabe stammen 51 % aus Subsahara-Afrika, 15 % aus Osteuropa, 10 % aus Zentraleuropa, 6 % aus Südostasien, 6 % aus Lateinamerika oder der Karibik, 5 % aus Westeuropa, aber nur 4 % aus dem Nahen Osten oder Nordafrika, den Regionen aus denen im Jahr 2015 der weitaus größte Teil der neu nach Deutschland gekommenen Asylsuchenden stammte.

Von den 445 im Jahr 2015 in Deutschland diagnostizierten und wahrscheinlich auch in Deutschland erworbenen HIV-Infektionen bei Menschen nichtdeutscher Herkunft stammen 26 % aus Zentraleuropa, 18 % aus Westeuropa, 15 % aus Subsahara-Afrika, 10 % aus Osteuropa und 10 % aus Lateinamerika oder der Karibik.

Infektionsrisiken nach Infektionsregion

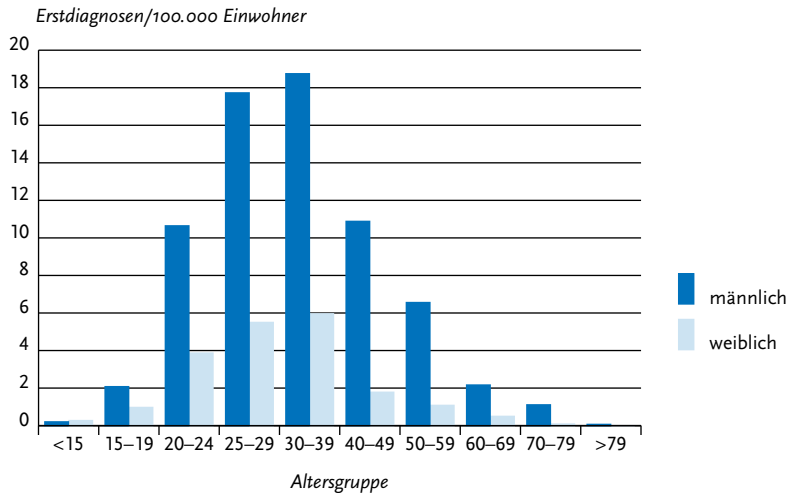
Für 2.966 der 3.674 Meldungen (81 %) lagen Angaben zum Infektionsrisiko vor. Unter den Meldungen mit Angaben hatten sich 62 % über gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern infiziert, 32 % über heterosexuelle Kontakte und 5 % bei intravenösem Drogenkonsum. Bei 1 % der Meldungen handelte es sich um Kinder, die über ihre Mütter infiziert worden waren.

Angaben zum Infektionsweg lagen für 2.028 von 2.519 (81 %) der neudiagnostizierten HIV-Infektionen mit Infektionsort in Deutschland oder fehlenden Angaben zum Infektionsland vor.

Von diesen 2.028 im Jahr 2015 neu diagnostizierten HIV-Infektionen mit Angaben zum Infektionsrisiko wurden 80 % (n=1.616) durch gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern, die Sex mit Männern haben (MSM), übertragen. Bei 16 % (n=328) wurden heterosexuelle Kontakte als Infektionsrisiko mitgeteilt, und bei 79 (4 %) wurde der intravenöse Konsum von Drogen als wahrscheinlichster Infektionsweg angegeben.

Die Anzahl der unter MSM in Deutschland diagnostizierten Infektionen ist im Vergleich zum

Abb. 6.21.4:
Gemeldete HIV-Erstdiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n= 3.657)



Vorjahr leicht gesunken (von 1.702 auf 1.616), die Anzahl der bei intravenös Drogen konsumierenden Menschen diagnostizierten HIV-Infektionen ist leicht angestiegen (von 73 auf 79), und die Zahl der auf heterosexuelle Kontakte zurückgeführten Infektionen ist von 253 auf 328 angestiegen.

Von den 445 nicht aus Deutschland stammenden, aber vermutlich in Deutschland infizierten Personen haben sich 57 % über gleichgeschlechtliche Kontakte zwischen Männern, 28 % über heterosexuelle Kontakte und 4 % bei intravenösem Drogenkonsum mit HIV infiziert.

Bei den im Ausland von Nichtdeutschen erworbenen und im Jahr 2015 in Deutschland neu diagnostizierten HIV-Infektionen (n=836) fehlen bei 14 % der Meldungen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsweg, 62 % wurden wahrscheinlich auf heterosexuellem Weg übertragen, 17 % durch gleichgeschlechtliche Kontakte zwischen Männern und 6 % bei intravenösem Drogenkonsum.

Im Jahr 2015 wurden 26 sicher oder wahrscheinlich von Mutter zu Kind übertragene HIV-Infektionen bei Kindern bis 14 Jahren diagnostiziert. Nur vier der Kinder, deren Geburtsdatum teilweise bis in das Jahr 2003 zurückreicht, wurden von HIV-infizierten Müttern in Deutschland geboren.

Datenqualität

Neben den dargestellten 3.674 gesicherten HIV-Neudiagnosen wurden dem RKI weitere 977 HIV-Diagnosen gemeldet, bei denen nicht bekannt ist, ob es sich um Neudiagnosen handelt, sowie 978 Fälle, die als Mehrfachmeldungen gekennzeichnet waren und 33 Fälle, die aus anderen Gründen nicht den RKI-internen Fallkriterien entsprachen. Diese Meldungen fanden keinen Eingang in die Auswertung. Unter den 977 Meldungen, die weder explizit als Neudiagnose noch als Mehrfachmeldung gekennzeichnet waren, muss noch ein unbekannter Anteil von Neudiagnosen vermutet werden. Deshalb stellt die Angabe von 3.674 HIV-Neudiagnosen die untere Grenze der tatsächlichen HIV-Neudiagnosen dar. Die Anzahl der Meldungen, die weder als Neudiagnose noch als Mehrfachmeldung eingestuft werden konnten, ist – bei einem Anstieg der Gesamtzahl der zu bearbeitenden Meldungen – um 150 Meldungen von 827 auf 977 gestiegen.

Fazit

Nach einer mehrjährigen Plateauphase mit relativ geringen Schwankungen zwischen den jährlich gemeldeten Neudiagnosen ist seit 2012 ein Anstieg der Zahl der HIV-Neudiagnosen zu beobachten.

Der Anstieg im vergangenen Jahr beruhte im Wesentlichen auf einer verstärkten Migration nach Deutschland, die zu einer Zunahme von HIV-Neudiagnosen v. a. bei Menschen afrikanischer und osteuropäischer Herkunft geführt hat. Aufgrund einer sehr niedrigen HIV-Prävalenz in den Ländern des Nahen Ostens und Nordafrikas hat sich die erhebliche Zunahme von Asylsuchenden aus diesen Regionen kaum auf die Zahl der im Ausland erworbenen Infektionen ausgewirkt.

Die Anzahl der im Ausland von Nichtdeutschen erworbenen HIV-Infektionen kann durch Maßnahmen in Deutschland nur sehr indirekt beeinflusst werden. Die Zunahme von Diagnosen solcher Infektionen darf daher nicht zur Beurteilung der Wirksamkeit von HIV-Präventionsanstrengungen in Deutschland herangezogen werden. Sie reflektiert im Gegenteil, wie offen die Grenzen Deutschlands für Schutzsuchende aus anderen Regionen sind. Die Zunahme der im Ausland erworbenen Infektionen stellt Deutschland primär vor die Herausforderung, diesen Menschen einen Zugang zu den in Deutschland verfügbaren Therapiemöglichkeiten zu ermöglichen. Wenn dies gelingt, können negative Auswirkungen auf den zukünftigen Verlauf der HIV-Epidemie in Deutschland vermieden werden. Dazu müssten zunächst kultursensible Testangebote für die besonders betroffenen Migrantengruppen aus Subsahara-Afrika ausgebaut werden. Darüber hinaus sollten Test- und Versorgungsstrukturen und -angebote auch verstärkt auf Migranten aus anderen europäischen Ländern ausgerichtet werden, die z.T. Schwierigkeiten haben, sich im deutschen Versorgungssystem zurechtzufinden.

In Bezug auf die Entwicklung der HIV-Epidemie in Deutschland zeigen sich zwar regional z.T. ermutigende Entwicklungen, insgesamt muss aber mehr getan werden, um die Anzahl der HIV-Neuinfektionen in Deutschland stärker und nachhaltig zu reduzieren. Vermehrte und leichter zugängliche Testangebote spielen auch hierfür eine wesentliche Rolle.

Literaturhinweise

- Hamouda O: *So breitet sich HIV in Deutschland aus*. MMW Fortschr Med 2015; 157:10–13.
- Kramer SC, Schmidt AJ, Berg RC, et al.: *Factors associated with unprotected anal sex with multiple non-steady partners in the past 12 months: results from the European Men-Who-Have-Sex-With-Men Internet Survey (EMIS 2010)*. BMC Public Health 2016; 16:47.
- Kramer SC, Drewes J, Kruspe M, Marcus U: *Factors associated with sexual risk behaviors with non-steady partners and lack of recent HIV testing among German men who have sex with men in steady relationships: results from a cross-sectional internet survey*. BMC Public Health 2015; 15:702.
- Marcus U, Gassowski M, Kruspe M, Drewes J: *Recency and frequency of HIV testing among men who have sex with men in Germany and socio-demographic factors associated with testing behaviour*. BMC Public Health 2015; 15:727.
- Marcus U, Ort J, Grenz M, Eckstein K, Wirtz K, Wille A: *Risk factors for HIV and STI diagnosis in a community-based HIV/STI testing and counselling site for men having sex with men (MSM) in a large German city in 2011–2012*. BMC Infect Dis 2015; 15:14.
- Marcus U, an der Heiden M, Gassowski M, Kruspe M, Drewes J: *The impact of meeting locations for men having sex with men on the risk for bacterial sexually transmitted infections: analyses from a cross-sectional online survey*. BMJ Open 2015; 5:e009107.
- Santos-Hövenner C, Marcus U, Koschollek C, et al.: *Determinants of HIV, viral hepatitis and STI prevention needs among African migrants in Germany; a cross-sectional survey on knowledge, attitudes, behaviors and practices*. BMC Public Health 2015; 15:753.
- Schmidt D, Kollan C, Stoll M, et al.: *From pills to patients: an evaluation of data sources to determine the number of people living with HIV who are receiving antiretroviral therapy in Germany*. BMC Public Health 2015; 15:252.
- Zimmermann R, Marcus U, Schäffer D, et al.: *A multicentre sero-behavioural survey for hepatitis B and C, HIV and HTLV among people who inject drugs in Germany using respondent driven sampling*. BMC Public Health 2014; 14:845.
- Santos-Hövenner C, Zimmermann R, Kücherer C, et al.: *Conversation about Serostatus decreases risk of acquiring HIV: results from a case control study comparing MSM with recent HIV infection and HIV negative controls*. BMC Public Health 2014; 14:453.
- RKI: *Schätzung der Prävalenz und Inzidenz von HIV-Infektionen in Deutschland, Stand: Ende 2014*. Epid Bull 2015; 45:475–486.
- RKI: *HIV-Infektionen und AIDS-Erkrankungen in Deutschland – Bericht zur Entwicklung im Jahr 2014 aus dem Robert Koch-Institut*. Epid Bull 2015; 27:239–251.

6.22 HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch

Kurzbeschreibung

Das enteropathische hämolytisch-urämische Syndrom (HUS) umfasst schwere, unter Umständen tödliche Komplikationen, die bei bakteriellen Darminfektionen mit enterohämorrhagischen *Escherichia coli* (EHEC; s. Kap. 6.10) auftreten können. In sehr seltenen Fällen kommt enteropathisches HUS auch bei Infektionen mit Shigellen (s. Kap. 6.46) oder anderen Erregern vor. Das Vollbild des HUS ist durch eine akute Nierenfunktionsstörung, Blutarmut durch den Zerfall roter Blutkörperchen und einen Mangel an Blutplättchen charakterisiert.

Falldefinition

Im Jahr 2015 wurde die Falldefinition für die Übermittlung des enteropathischen HUS geändert. Seit 2015 unterscheidet man ein spezifisches und ein unspezifisches klinisches Bild. Das spezifische klinische Bild ist als mindestens zwei der drei folgenden Kriterien definiert: hämolytische Anämie, Thrombozytopenie ≤ 150.000 Zellen/mm³, Nierenfunktionsstörung. Das unspezifische klinische Bild ist definiert als mindestens eines der folgenden Kriterien: ärztliche Diagnose eines akuten enteropathischen HUS oder krankheitsbedingter Tod. Beide klinischen Bilder sind übermittlungspflichtig. Diese Änderung soll zur frühzeitigeren Erkennung von Häufungen beitragen. Des Weiteren wurde die Definition des labordiagnostischen Nachweises geändert: Bei Nachweis des O157-Antigens genügt seit 2015 der Nachweis von Shigatoxin (z. B. ELISA) aus Stuhlanreicherungskultur, Stuhlmisskultur oder *E.-coli*-Kultur aus Stuhl für einen positiven Befund.

Die Referenzdefinition für enteropathisches HUS umfasst alle klinisch begründeten Kategorien der Falldefinition (klinisch diagnostizierte, klinisch-epidemiologisch bestätigte und klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankungen) außer den Erkrankungen, bei denen lediglich das unspezifische klinische Bild erfüllt ist. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.22.1).

In den Gesundheitsämtern wurde 2015 teilweise die alte und teilweise die neue Falldefinition

verwendet, je nach verwendeter Software. Durch die Änderungen in der Falldefinition wurde ein Fall zusätzlich übermittelt, der nach der alten Falldefinition nicht übermittelt worden wäre (Tab. 6.22.2).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden 69 HUS-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten. Diese Zahl entsprach dem Median der Vorjahre seit 2001 (n=69). Wie in fast allen Vorjahren wurde die größte Anzahl von Fällen im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.22.1).

Geografische Verteilung

Bundesweit lag die Inzidenz bei 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die höchste Inzidenz wurde in Niedersachsen (0,2) festgestellt. Die höchste Anzahl von Fällen wurden aus Bayern (15), Nordrhein-Westfalen (14) und Niedersachsen (12) übermittelt. Keine HUS-Erkrankungen hingegen wurden aus Brandenburg, Bremen, dem Saarland, Sachsen-Anhalt und Thüringen übermittelt.

Für 50 Erkrankungen wurden 52 Infektionsländer (Mehrfachnennungen möglich) angegeben. Deutschland wurde 46-mal (88 %) genannt. Italien, Kanada, Mazedonien, Österreich, Portugal und Ägypten wurden jeweils einmal genannt.

Demografische Verteilung

Wie in allen Vorjahren, ausgenommen 2011, war die Inzidenz bei Kindern im Alter unter 5 Jahren am höchsten; 37 (54 %) der übermittelten HUS-Erkrankungen betrafen Kinder in dieser Altersgruppe. Es wurden 15 HUS-Erkrankungen bei Jugendlichen im Alter ab 15 Jahren und bei Erwachsenen übermittelt (2014: 23). Sowohl unter den minderjährigen Fällen als auch unter den Erwachsenen waren Mädchen bzw. Frauen stärker als Jungen bzw. Männer betroffen.

Nachgewiesene Erreger

Bei 43 Fällen (62 %; 2014: 64 %) wurde der labordiagnostische Nachweis einer EHEC-Infektion angegeben. Bei 15 der EHEC-assoziierten Fälle (35 %; 2014: 43 %) wurden Angaben zur Serogruppe übermittelt. Darunter entfielen 10 (67 %) auf die Serogruppe O157. Des Weiteren wurden 2-mal die Serogruppen O26 sowie je einmal O45, O182 und Ont (nicht typisierbar) angegeben.

Tab. 6.22.1:

Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015.
Für 2015 zusätzlich differenziert nach Version der Falldefinition bei Erfassung

Kategorie	2014		2015 gesamt		Falldefinition vor 2015		Falldefinition 2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch (A)	31	36%	25	36%	20	40%	5	
davon spezifisch (A1)			5				5	26%
klinisch-epidemiologisch (B)	0		1	1%	1	2%	0	
klinisch-labor diagnostisch (C)	54	64%	43	62%	29	58%	14	74%
alle	85	100%	69	100%	50	100%	19	100%
Referenzdefinition	A+B+C		A+B+C, A1+B+C		A+B+C		A1+B+C	
	85	100%	69	100%	50	100%	19	100%

Tab. 6.22.2:

Übermittelte HUS-Erkrankungen (Referenzdefinition, n=69); Auswirkung der Falldefinitionsänderung, Deutschland, 2015

	Falldefinition vor 2015	Falldefinition 2015
	Anzahl	Anzahl
Referenzdefinition	50	19
davon mit Angaben zu klinischen Kriterien	46	19
davon mit erfülltem klinischen Bild auch bzgl. der jeweils anderen Falldefinition	46	18
davon bestätigt nur durch Angabe von Kriterien, die in Falldefinition 2015 entfallen sind	0	–
davon bestätigt nur durch Angabe von Kriterien, die in Falldefinition 2015 hinzugekommen sind	–	1

Klinische Aspekte

Es wurden 3 bestätigte Todesfälle (4 %) im Zusammenhang mit HUS-Erkrankungen übermittelt. Die Betroffenen, zwei Frauen und ein Mann, waren 19, 51 und 54 Jahre alt. Für keinen der verstorbenen Fälle wurde eine Infektionsquelle oder Serogruppe angegeben.

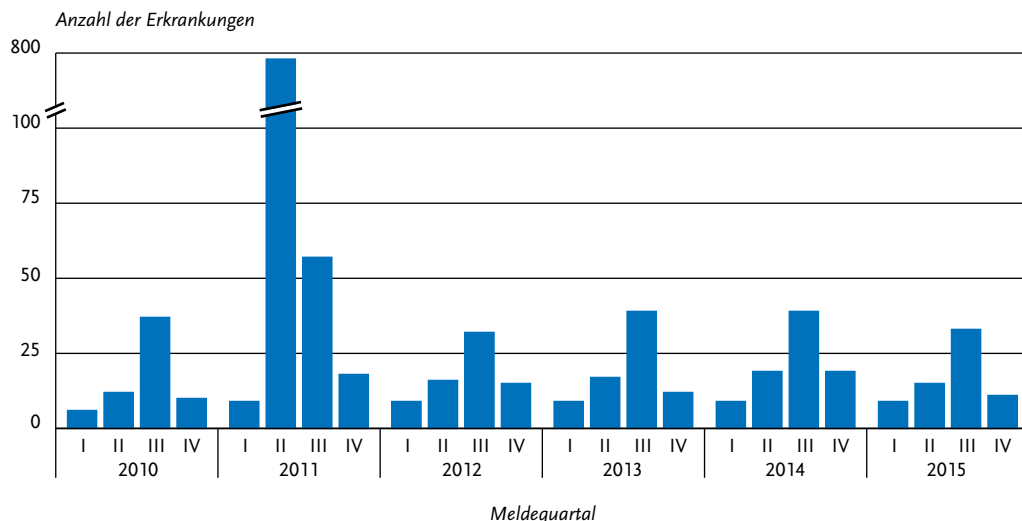
Ausbrüche

Im Berichtsjahr wurden 3 Ausbrüche mit insgesamt 10 Erkrankungen, davon 5 HUS-Erkrankungen, übermittelt. In einem der Ausbrüche erkrankten 3 Kleinkinder aus zwei befreundeten Familien an HUS. Als Erreger wurde ein Sorbitol fermentierender EHEC O157 nachgewiesen. Ein weiteres

Familienmitglied wurde als EHEC-Fall übermittelt, bei 4 weiteren, asymptomatischen Familienmitgliedern wurde im Stuhl EHEC nachgewiesen. In Proben aus dem Sandkasten, in dem die Kinder gespielt hatten, wurde ein nahezu identischer EHEC-O157-Stamm nachgewiesen. Es lässt sich aber nicht sicher sagen, ob sich die Kinder über den Sand infiziert hatten oder ob der Sand kontaminiert wurde, als die Kinder, die bereits symptomatisch waren, darin gespielt haben. Die Infektionsquelle blieb somit trotz umfangreicher Ermittlungen unklar.

Ein Ausbruch mit einem HUS-Fall und drei EHEC-Fällen betraf vier Kinder und Jugendliche im familiären Kontext mit Expositionsort Portugal.

Abb. 6.22.1:
Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2010 bis 2015



Im dritten übermittelten Ausbruch waren ein 12-jähriges Kind an HUS und ein Erwachsener an EHEC erkrankt. In den beiden letztgenannten Ausbrüchen gab es keine Hinweise auf die Serogruppe.

Datenqualität

Seit 2003 werden Erkrankungen an enteropathischem HUS getrennt von EHEC übermittelt und ausgewertet. Seit dem Jahr 2006 werden übermittelte Häufungen, die mindestens eine HUS-Erkrankung enthalten, in dieser Meldekategorie aufgeführt. Die Häufigkeit der Diagnose von EHEC oder anderen HUS-assoziierten Erregern in Deutschland ist sehr von der Inanspruchnahme und Qualität labordiagnostischer Untersuchungen abhängig. Die Diagnostik von EHEC ist nicht ohne Schwierigkeiten und wird im Routinealltag häufig nicht bis zur kulturellen Isolierung und zur Bestimmung der Serogruppe durchgeführt, die jedoch für die epidemiologische Beurteilung erforderlich ist, wie auch der große EHEC/HUS-Ausbruch im Jahr 2011 verdeutlichte.

Seit Mai 2008 führt das Robert Koch-Institut, unterstützt durch die Gesellschaft für Pädiatrische Nephrologie, zusätzlich eine aktive Surveillance von pädiatrischen HUS-Erkrankungen in Deutschland durch. Es ist davon auszugehen, dass es

seitdem zu einer vollständigeren Erfassung pädiatrischer HUS-Erkrankungen im Meldesystem kommt.

Fazit

Die Zahl übermittelter HUS-Erkrankungen war im Vergleich zu den Vorjahren stabil. Auffällig war der weiter deutlich abnehmende Anteil nachgewiesener EHEC bei den HUS-Erkrankungen bzw. der weiterhin niedrige Anteil der Fälle mit Erregernachweis, zu denen Serogruppen-Informationen übermittelt wurden. Dies wirkt sich erschwerend auf die Ausbruchserkennung aus.

Literaturhinweise

- Frank C, Milde-Busch A, Werber D: *Results of surveillance for infections with shiga toxin-producing Escherichia coli (STEC) of serotype O104:H4 after the large outbreak in Germany, July to December 2011.* Euro Surveill 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20760
- Krause G, Frank C, Gilsdorf A, et al.: *Der HUS-Ausbruch 2011 in Deutschland. Herausforderungen für den Infektionsschutz.* Bundesgesundheitsbl-Gesundheitsforsch-Gesundheitsschutz 2013; 56:56–66.

- Buchholz U, Bernard H, Werber D, et al.: *German outbreak of Escherichia coli O104:H4 associated with sprouts*. N Engl J Med 2011; 365:1763–1770.
- Frank C, Werber D, Cramer JP, et al.: *Epidemic Profile of Shiga-Toxin-Producing Escherichia coli O104:H4 Outbreak in Germany*. N Engl J Med 2011; 365:1771–1780.
- Hauri AM, Götsch U, Strotmann I, et al.: *Secondary transmissions during the outbreak of Shiga toxin-producing Escherichia coli O104 in Hesse, Germany, 2011*. Euro Surveill 2011. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=19937
- Werber D, Bielaszewska M, Frank C, Stark K, Karch H: *Watch out for the even eviler cousin – sorbitol-fermenting E. coli O157*. Lancet 2011; 377:298–299.
- Ergebnisbericht der Task Force EHEC zur Aufklärung des EHEC O104:H4 Krankheitsausbruchs in Deutschland. 2015. www.bvl.bund.de/DE/01_Lebensmittel/03_Verbraucher/09_InfektionenIntoxikationen/05_EHEC/Task_Force/Task_Force_node.html
- RKI: *Abschließende Darstellung und Bewertung der epidemiologischen Erkenntnisse im EHEC O104:H4 Ausbruch Deutschland 2011*. www.rki.de > Infektionskrankheiten A–Z > EHEC-Infektionen
- RKI: *Ergebnisse der Post-Ausbruchs-Surveillance nach dem erklärten Endes des HUS-Ausbruchs im Sommer 2012*. Epid Bull 2012; 36:355–360.
- RKI: *Ergebnisse des Workshops: »Experiences from the STEC O104:H4 outbreak in Germany and research needs for STEC«*. Epid Bull 2012; 9:71–74.

6.23 Influenza

Kurzbeschreibung

Die Influenza ist eine durch das Influenzavirus hervorgerufene, vorwiegend durch respiratorische Sekrete in Tröpfchenform übertragene Erkrankung, die sich typischerweise durch einen plötzlichen Beginn mit Fieber, Husten und Muskel- oder Kopfschmerzen auszeichnet. Weitere Symptome können allgemeine Schwäche, Schweißausbrüche, Schnupfen, aber auch Übelkeit/Erbrechen und Durchfall sein. Zu beachten ist jedoch, dass bei Weitem nicht alle Influenza-Infizierten mit typischer Symptomatik erkranken. Schwere Verlaufsformen und Komplikationen können in jedem Lebensalter auftreten, betreffen jedoch vorwiegend ältere Menschen (> 60 Jahre) und solche mit chronischen Grunderkrankungen. Die Influenza tritt saisonal in sogenannten Grippewellen auf, die in Deutschland meist im Januar oder Februar beginnen und innerhalb von 8 bis 10 Wochen ablaufen, sie können in einzelnen Jahren aber auch deut-

lich länger dauern. Die Stärke der Grippewellen schwankt von Jahr zu Jahr erheblich.

Falldefinition

Seit 2015 gelten aktualisierte Falldefinitionen für humane saisonale (oder pandemische) und zoonotische Influenza. Beide Formen werden unter der gleichen Melde- und Übermittlungskategorie zusammengefasst, allerdings sind je nach Krankheitsform unterschiedliche bzw. zusätzliche Informationen zu übermitteln. Für die Erfüllung des klinischen Bildes bei der saisonalen Influenza wurden seit 2015 die zusätzlichen Kriterien »beatmungspflichtige Atemwegserkrankung« und »akutes schweres Atemnotsyndrom (ARDS)« aufgenommen, die auch zur Beurteilung der Krankheitsschwere dienen.

Im Jahr 2015 wurden keine Fälle zoonotischer Influenza übermittelt. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf humane saisonale Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.23.1).

In den Gesundheitsämtern wurden 68.272 Erkrankungen nach der alten und 9.598 Erkrankungen nach der neuen Falldefinition erfasst und übermittelt. Durch die Änderungen in der Falldefinition wurden 54 Erkrankungen übermittelt, die nach der alten Falldefinition nicht übermittelt worden wären (s. Tab. 6.23.2).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden dem RKI 89.315 Influenza-Fälle übermittelt, von denen 77.870 Erkrankungen der Referenzdefinition entsprechen.

Die Influenza-Meldungen der Grippewelle der Saison 2014/2015 fielen fast vollständig in das Jahr 2015. Bundesweit erreichten die übermittelten Meldungen 2015 in der 8., 9. und 10. Meldewoche ihren Höhepunkt (s. Abb. 6.23.1). Die bundesweite Inzidenz übermittelter Influenza-Erkrankungen 2015 betrug 96 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner, eine im Vergleich zum Vorjahr (9,3) sehr hohe Inzidenz. Eine vergleichbar hohe Inzidenz (87) wurde im Jahr 2013 beobachtet.

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz übermittelter Influenza-Erkrankungen 2015 zeigte einen Gipfel bei Kindern im Kindergartenalter (maximal 353 Erkr./100.000 Kinder im Alter von 3 Jahren) (s. Abb. 6.23.2). Kinder sind durch die fehlende

Tab. 6.23.1
Übermittelte Influenza-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	471	6%	5.603	6%
klinisch-labordiagnostisch (C)	7.038	83%	72.267	81%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	497	6%	3.670	4%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	449	5%	7.775	9%
alle	8.455	100%	89.315	100%
Referenzdefinition (B+C)	7.509	89%	77.870	87%

Tab. 6.23.2:
Übermittelte Influenza-Erkrankungen (Referenzdefinition, n=77.870); Auswirkung der Falldefinitionsänderung, Deutschland, 2015

	Falldefinition vor 2015	Falldefinition 2015
	Anzahl	Anzahl
Referenzdefinition (B+C)	68.272	9.598
davon mit Angaben zu klinischen Kriterien	60.952	9.597
davon mit erfülltem klinischen Bild auch bzgl. der jeweils anderen Falldefinition	60.952	9.543
davon bestätigt nur durch Angabe von Kriterien, die in Falldefinition 2015 hinzugekommen sind	-	54

Abb. 6.23.1:
Übermittelte Influenza-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2010 bis 2015

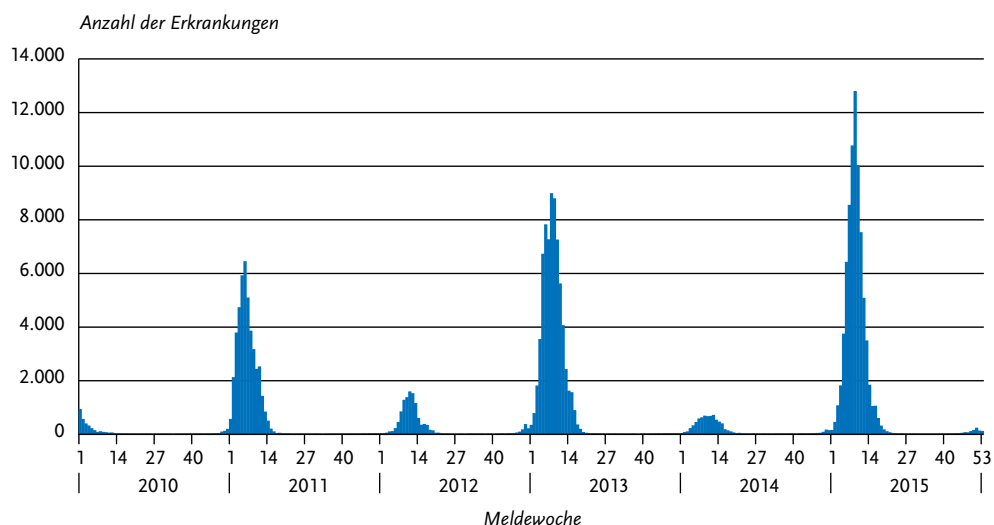
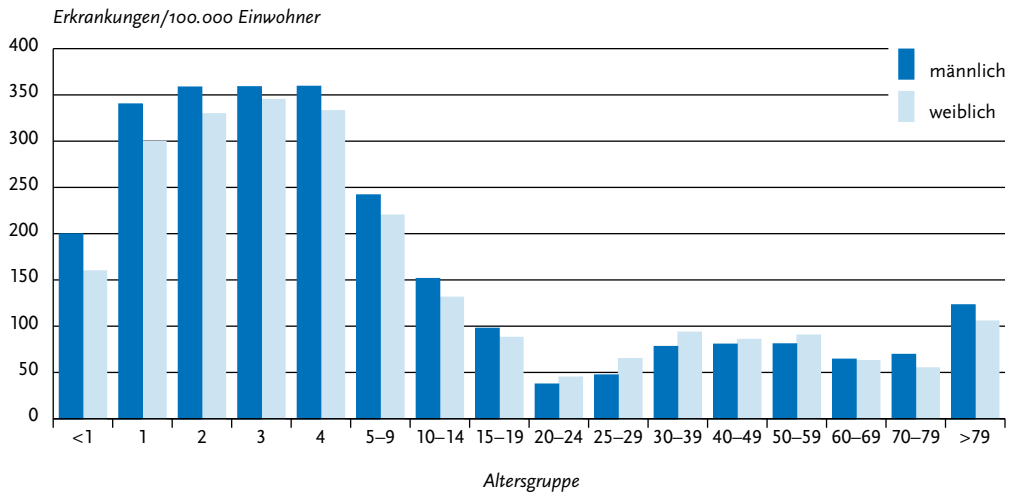


Abb. 6.23.2:
Übermittelte Influenza-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=77.303)



bzw. geringere Grundimmunität, hohe Kontaktfreudigkeit und -häufigkeit, z. B. durch den Besuch von Kindertagesstätten, häufig von Influenza-Erkrankungen während einer saisonalen Grippewelle betroffen. Während die altersspezifische Inzidenz bei Jungen größer als bei Mädchen war, lag für Erwachsene jüngeren und mittleren Alters eine höhere Inzidenz bei Frauen vor. Ursächlich könnte der engere Kontakt von Frauen dieser Altersgruppen zu erkrankten Kindern sein. Ab der Altersgruppe 60 bis 69 Jahre war die Inzidenz der Influenza-Erkrankungen bei Männern höher als bei Frauen (64,2 bzw. 62,8).

Nachgewiesene Erreger

Die beim Menschen relevanten Virustypen werden nach den Buchstaben A und B bezeichnet, wobei der Typ A in Subtypen unterteilt wird, die nach den Oberflächenproteinen Hämagglutinin und Neuraminidase benannt werden, z. B. A(H₃N₂). Influenza-B-Viren werden dagegen in zwei sogenannte Linien aufgegliedert (Yamagata- bzw. Victoria-Linie). Die saisonalen Viren verändern ihre antigenen Eigenschaften über Jahre hinweg durch Punktmutationen ihres Genoms (Antigendrift), weshalb eine jährliche Überprüfung und gegebenenfalls

eine Anpassung der Impfstoffkomponenten notwendig sind. Es wird jeweils ein Influenzaimpfstoff mit A(H₃N₂)-, A(H₁N₁)- und B-Komponente verwendet (Trivalenter Influenzaimpfstoff). Seit der Saison 2013/14 sind jedoch auch quadrivalente Impfstoffe mit einer zusätzlichen B-Virus-Variante in Deutschland verfügbar, so dass jeweils eine Komponente für die Yamagata- und eine Komponente für die Victoria-Linie enthalten sind.

Unter den als Influenza A bzw. Influenza B charakterisierten und übermittelten Meldungen aus der 1. bis 22. Meldewoche 2015 (n=73.024) überwogen die Infektionen mit Influenza A (n=52.250; 72 %) deutlich gegenüber denen mit Influenza B (n=17.355; 24 %). Insgesamt 5 % (3.419) wurden nicht nach Influenza A oder B differenziert. Von den 7.097 Influenza-A-Erkrankungen mit bekanntem Subtyp wurde in der Grippewelle 2015 der Subtyp A(H₁N₁)pdm09 mit 58 % häufiger als der Subtyp A(H₃N₂) mit 39 % nachgewiesen. Aus den Daten des Influenza-Sentinel der Arbeitsgemeinschaft Influenza (AGI) ergab sich allerdings eine Zirkulation mit einem höheren Anteil von Influenza-A(H₃N₂)-Viren verglichen mit Influenza-A(H₁N₁)pdm09-Viren. Der Anteil der nachgewiesenen Influenza-B-Viren an allen Nach-

weisen stieg im Verlauf der Grippewelle an. Die unterschiedliche Verteilung der identifizierten Influenza-A-Subtypen im AGI-Sentinel und in den Meldedaten lässt sich u.a. darauf zurückführen, dass nach der Pandemie 2009 deutlich mehr spezifische PCR-Nachweise für Influenza A(H1N1)pdm09 als zur Subtypisierung für A(H3N2) etabliert wurden. Seitdem hat sich das A(H1N1)pdm09-Virus wenig verändert, sodass keine Anpassung der PCR-Kits erforderlich war. Die Verteilung der in der Bevölkerung zirkulierenden Influenzatyphen und -subtypen wird im AGI-Sentinel besser als in den Meldedaten repräsentiert.

Der Altersmedian der Patienten mit Influenza-A(H1N1)pdm09- und Influenza-B-subtypisierten Infektionen betrug 32 bzw. 43 Jahre und lag damit deutlich über dem Altersmedian der Patienten mit Influenza-A(H3N2)-Infektionen (15 Jahre). Auch während der Vorjahressaison war der Altersmedian für Influenza-A(H1N1)pdm09-Fälle (35 Jahre) höher als für Influenza-A(H3N2)-Fälle (9 Jahre).

Klinische Aspekte

In der älteren Bevölkerung wurde im Vergleich zur jüngeren ein deutlich höherer Anteil von hospitalisierten Patienten übermittelt. So wurde bei 64 % der Erkrankten, die älter als 69 Jahre waren, eine Hospitalisierung angegeben, während es bei 25- bis 29-Jährigen 10 % waren. Diese Angaben überschätzen vermutlich die tatsächlichen Anteile der Krankenhauseinweisungen unter allen Influenza-Fällen, da es sich bei übermittelten Fällen um laborbestätigte oder epidemiologisch bestätigte Erkrankungen handelt, die eher »typisch« bzw. schwer verliefen.

Wie bei den meisten Infektionskrankheiten ist ein kausaler Zusammenhang zwischen Influenza-Infektion und Tod nicht immer eindeutig. Im Jahr 2015 wurden 158 Todesfälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, die mittelbar oder unmittelbar durch die Influenza verstorben sind. Im Jahr 2015 lag der Altersmedian aller Influenza-Erkrankten bei 37 Jahren und der der Verstorbenen bei 74,5 Jahren. Ältere Menschen haben, wenn sie sich mit Influenza infizieren, ein höheres Risiko, nach einem protrahierten Verlauf zu versterben. Im Vorjahr (Saison 2013/2014) war der Altersmedian der Verstorbenen mit 65 Jahren geringer im Vergleich zur saisonalen Grippewelle 2014/2015.

Impfstatus

Für Personen, die ein erhöhtes Risiko für schwere Krankheitsverläufe oder berufsbedingt ein erhöhtes Infektionsrisiko haben, wird die jährliche Influenzaimpfung im Herbst/Frühwinter durch die Ständige Impfkommission (STIKO) empfohlen.

Für die saisonale Influenza betrifft dies alle Personen ab 60 Jahre, Personen jeden Alters mit chronischen Vorerkrankungen, Schwangere ab dem 2. Trimenon und Personen mit erhöhter Gefährdung, z. B. medizinisches Personal. Die Dauer bis zum Aufbau des Immunschutzes nach Impfung beträgt etwa 10 bis 14 Tage. Adjuvantierte Impfstoffe gegen die saisonale Influenza sind nur für Personen zugelassen, die 65 Jahre oder älter sind. Bei Kindern mit erhöhter gesundheitlicher Gefährdung infolge eines Grundleidens, die das erste Mal gegen Influenza geimpft werden, wird laut Herstellerangaben bis zu einem gewissen Alter (meist 9 Jahre) eine 2-fache Impfung im Abstand von 4 Wochen empfohlen. Für die Saison 2013/14 hatte die STIKO ihre Empfehlung zur Impfung für Kinder mit einem Grundleiden ergänzt: »Kinder und Jugendliche im Alter von 2 bis einschließlich 17 Jahren können mit inaktiviertem Impfstoff oder mit einem attenuierten Influenza-Lebendimpfstoff (LAIV) geimpft werden, sofern keine Kontraindikation besteht. Bei Kindern im Alter von 2 bis einschließlich 6 Jahren sollte LAIV bevorzugt angewendet werden.«

Für die Saison 2014/2015 wurden folgende Komponenten des Impfstoffs gegen Influenza in der nördlichen Hemisphäre empfohlen:

- ▶ Influenza-A(H1N1)-Komponente: ein A/California/7/2009 (H1N1)-ähnliches Virus
- ▶ Influenza-A(H3N2)-Komponente: ein A/Texas/50/2012 (H3N2)-ähnliches Virus
- ▶ Influenza-B-Komponente: ein B/Massachusetts/2/2012-ähnliches Virus (Yamagata-Linie)

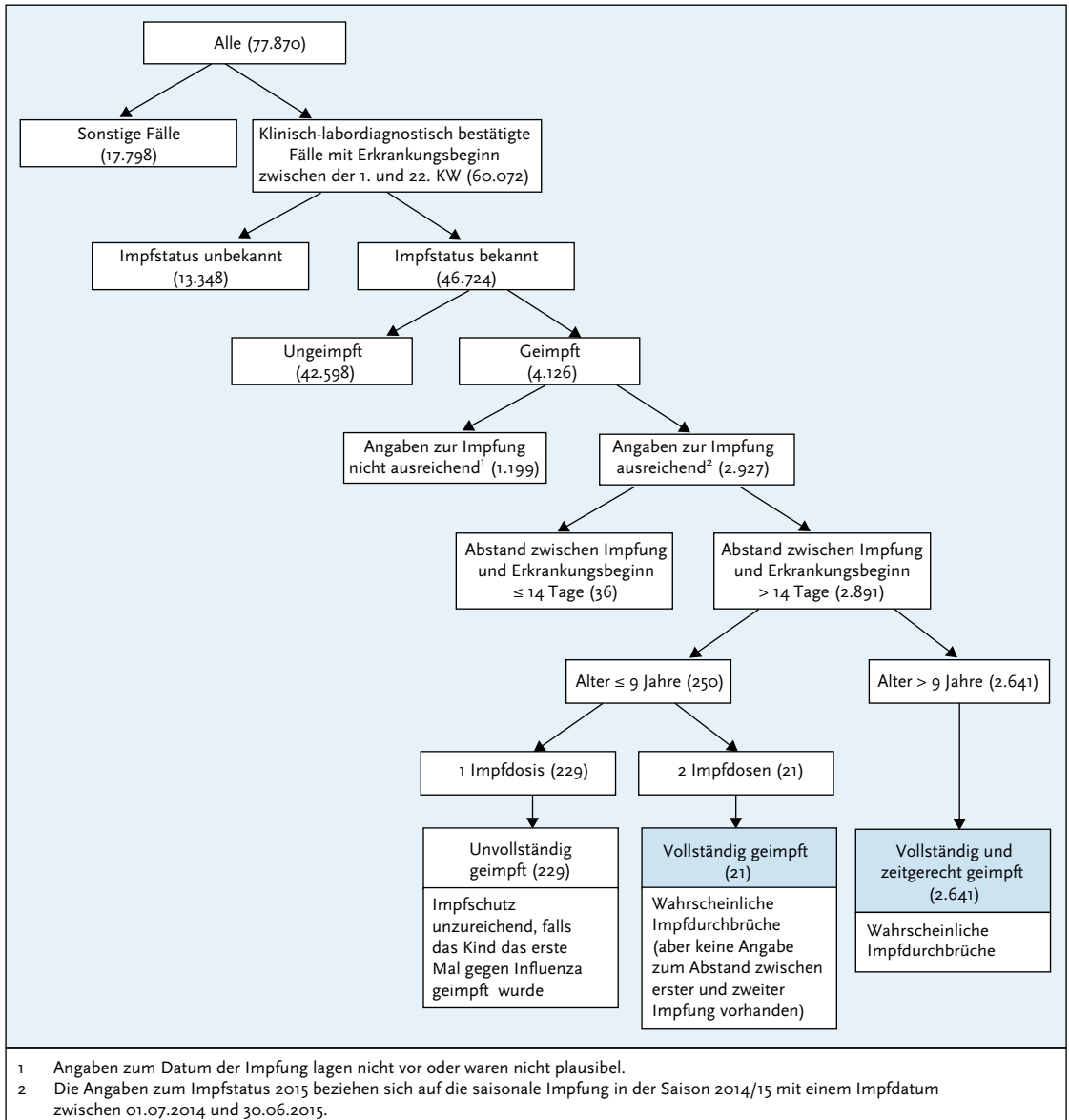
Für quadrivalente Impfstoffe wurden die Antigene der oben genannten Viren sowie ein B/Brisbane/60/2008-ähnliches Virus (Victoria-Linie) empfohlen.

Von den 77.870 für 2015 übermittelten Influenza-Erkrankungen waren 60.072 klinisch-labor-diagnostisch bestätigte Fälle mit einem Erkrankungsbeginn zwischen der 1. und 22. KW 2015. Bei

46.724 Fällen (78%) lag eine Angabe zum Impfstatus vor. Davon wurden 91% (42.598) als nicht geimpft und 9% (4.126) als geimpft übermittelt (s. Abb. 6.23.3).

Die folgende Auswertung beschränkt sich auf die Fälle, die eine saisonale Impfung in der Saison 2014/2015 mit einem Impfdatum zwischen dem 01.07.2014 und 30.06.2015 erhalten haben. Für

Abb. 6.23.3:
Übermittelte Influenza-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2015 (n=77.870)



2.927 dieser Fälle lagen bewertbare Angaben zur Impfung vor. Insgesamt 2.891 Personen waren mehr als 14 Tage vor Erkrankungsbeginn geimpft worden. Davon waren 2.641 Fälle älter als 9 Jahre und 250 Fälle jünger als 10 Jahre. Bei Erwachsenen ist nach den Fachinformationen der Impfstoffhersteller eine einmalige Grippeimpfung pro Saison auch bei erstmaliger Impfung gegen Influenza ausreichend. Diese 2.641 Fälle sind somit als wahrscheinliche Impfdurchbrüche zu werten.

Einundzwanzig der 250 Kinder unter 10 Jahren hatten 2 Impfungen erhalten und zwischen zweiter Impfung und Erkrankungsbeginn lagen mehr als 14 Tage. Sie können als vollständig geimpft gewertet werden und bei ihnen lag somit wahrscheinlich ein Impfdurchbruch vor. Insgesamt können also 2.662 der übermittelten Influenza-Fälle zwischen 1. und 22. Meldewoche als wahrscheinliche Impfdurchbrüche gelten. Obwohl die Influenza-Impfung bei älteren Menschen im Vergleich zu jungen Erwachsenen weniger wirksam ist, rät die STIKO allen Menschen ab 60 Jahre aufgrund des höheren Risikos für einen schweren Krankheitsverlauf zu einer jährlichen Influenzaimpfung. Zusätzlich ist infektionshygienisches Verhalten, wie die Vermeidung des engen Kontakts zu Erkrankten und häufiges Händewaschen, insbesondere während der Grippewelle unabhängig vom Impfstatus empfehlenswert.

Ausbrüche

Im Jahr 2015 wurden 1.737 Influenza-Ausbrüche mit insgesamt 8.946 Erkrankungsfällen im Alter zwischen 0 und 107 Jahren übermittelt. Durchschnittlich waren pro Ausbruch 5 Fälle beteiligt. 61 % der Ausbruchsfälle gehörten zu 292 größeren Ausbrüchen mit jeweils 5 oder mehr Fällen. Der Altersmedian der im Rahmen von Ausbrüchen erkrankten Fälle lag mit 26 ($n=8.785$) Jahren unter dem Altersmedian aller Fälle (37 Jahre, s. o.). Etwa die Hälfte (47 %) aller Ausbruchsfälle war 0 bis 17 Jahre alt und damit im Kindergarten- oder Schulalter. Diese Fälle bilden die häufige Meldung und Übermittlung von Ausbrüchen in Kindergärten und Schulen ab. Ursächlich ist die große Anzahl von Infektionen von Kindern, die erstmals mit Influenzaviren in Kontakt kommen und ohne vorbestehende Immunität leicht erkranken. Aber auch in Einrichtungen für ältere Menschen wurden Influenza-Ausbrüche identifiziert.

Insgesamt waren 19 % der im Rahmen von Ausbrüchen übermittelten Fälle über 69 Jahre alt (1.708 Fälle). Von ihnen wurden 40 % (441) hospitalisiert und 1,9 % (31) verstarben. Das waren 20 % der Todesfälle, die 2015 als influenzabedingt verstorben übermittelt wurden (insgesamt 158, s.o.).

Datenqualität

Da die Meldung von Influenza an den labordiagnostischen Nachweis gekoppelt ist, die meisten Erkrankungen im Verlauf einer Grippewelle aber rein klinisch diagnostiziert werden, liegt eine erhebliche Untererfassung von Influenza-Erkrankungen vor. Außerdem steigt der Anteil der Fälle an, die die Referenzdefinition nicht erfüllen, weil keine Angaben zum klinischen Bild vorliegen. Auch diese Fälle werden in den Veröffentlichungen des RKI nicht gezählt. Die dargestellten Daten werden auch davon beeinflusst, wie viele Ärzte sich im Rahmen ihrer Mitarbeit entweder in der AGI oder bei Initiativen der Bundesländer an labordiagnostisch unterstützten Surveillance-Aktivitäten sowie z. B. an Studien zu Influenza von Universitäten oder pharmazeutischen Unternehmen beteiligen. Für geografische Vergleiche auf Bundesland- oder Landkreisebene eignet sich die Inzidenz der gemäß IfSG gemeldeten Fälle aus diesem Grund nicht.

Auch der Vergleich der Inzidenzen über mehrere Jahre würde bei Influenza zu Fehlinterpretationen führen, da die oben geschilderten Initiativen teilweise nur für eine Saison durchgeführt oder neue diagnostische Netzwerke etabliert werden, die die Zahl der Fälle dann ab einer bestimmten Saison steigen lassen. Seit der Pandemie 2009 haben auch Krankenhäuser die labordiagnostische Absicherung einer Influenza-Erkrankung verstärkt in die Routineuntersuchungen integriert, sodass mehr hospitalisierte, an Influenza erkrankte Fälle zur Meldung gelangten und übermittelt wurden. Der Anteil der Hospitalisierten und auch der Anteil an Todesfällen unter den übermittelten Fällen spiegeln daher nicht die realen Anteile in der Bevölkerung wider, sondern werden überschätzt.

Für die Bewertung der Krankheitslast und eine geografische Auswertung sind die Daten, die im Rahmen der Sentinelsurveillance der AGI erhoben werden, besser geeignet. Das Meldesystem gibt hingegen den zeitlichen Verlauf der jeweiligen Erkrankungswellen durch Influenza gut wieder.

Die Grippewelle in der Saison 2014/2015 war im Gegensatz zu der vorangegangenen Saison 2013/2014 auch nach Auswertungen der AGI sehr stark.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Influenza-Erkrankungen sowie Daten aus dem AGI-Sentinel der Saison 2014/2015 spiegeln eine deutlich stärkere Grippewelle im Vergleich zum Vorjahr wider. Die Altersgruppe der Kleinkinder war am häufigsten betroffen, bei älteren Patienten fiel aber eine höhere Hospitalisierungsrate auf. Der hohe Anteil der Hospitalisierten unter den übermittelten Influenza-Fällen ist zum Teil auf die gestiegene Anzahl der labordiagnostischen Untersuchungen von klinischen Verdachtsfällen im stationären Bereich zurückzuführen. Mit den übermittelten Influenza-Fällen wird die wirkliche Zahl der Influenza-Erkrankungen stark unterschätzt, der Anteil der Todesfälle und Hospitalisierungen an den übermittelten Fällen aber überschätzt.

Literaturhinweise

- Valenciano M, Kissling E, Reuss A, et al.: *Vaccine effectiveness in preventing laboratory-confirmed influenza in primary care patients in a season of co-circulation of influenza A (H1N1) pdm09, B and drifted A (H3N2), I-MOVE Multi-centre Case-Control Study, Europe 2014/15*. Euro Surveill 2016. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21385
- Broberg E, Snacken R, Adlhoch C, et al.: *Start of the 2014/15 influenza season in Europe: drifted influenza A (H3N2) viruses circulate as dominant subtype*. Euro Surveill 2015. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21023
- Soebiyanto RP, Gross D, Jorgensen P, et al.: *Associations between Meteorological Parameters and Influenza Activity in Berlin (Germany), Ljubljana (Slovenia), Castile and León (Spain) and Israeli Districts*. PLoS One 2015; 10:e0134701.
- Arbeitsgemeinschaft Influenza (2015) *Bericht zur Epidemiologie der Influenza in Deutschland – Saison 2014/15*. <https://influenza.rki.de/Saisonberichte/2014.pdf>
- RKI: *Impfquoten der Masern-, HPV- und Influenza-Impfung in Deutschland*. Epid Bull 2016; 11:1–7.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut/Stand: August 2015*. Epid Bull 2015; 34:327–362.
- RKI: *Influenzamelodungen gemäß IfSG in der Saison 2014/2015 unter besonderer Berücksichtigung von Ausbruchsgeschehen in Altenheimen/Pflegeheimen*. Epid Bull 2015; 28: 261–265.

RKI: *Aktualisierung der der Influenza zugeschriebenen Mortalität bis einschließlich der Saison 2012/2013*. Epid Bull 2015; 3:17–20.

RKI: *Die Arbeitsgemeinschaft Influenza als zentrales Instrument im Gesamtkonzept der Influenzüberwachung in Deutschland*. Epid Bull 2014; 40:391–369.

Aviäre Influenza A bei Menschen

Neben den nachfolgend ausführlicher beschriebenen humanen Erkrankungen durch aviäre Influenzaviren der Subtypen A(H5N1) und A(H7N9) sind seit 2013 in China auch einzelne humane Erkrankungen durch die Subtypen A(H9N2), A(H10N8) und A(H5N6) aufgetreten. In Ostasien zirkulieren seit 2013 insbesondere Reassortanten einer H5N1-Variante in Geflügelbeständen (H5N6, H5N2, H5N8, H5N3), die sich teilweise, wahrscheinlich durch den Vogelzug von Wildvögeln, inzwischen auch nach Europa und Nordamerika weiterverbreitet und einzelne Geflügelbestände infiziert haben. Die Weltgesundheitsorganisation (WHO) bezeichnet diese aviären Influenza-A(H5)-Viren als die zurzeit offensichtlichste Bedrohung für die globale Gesundheitslage bei Influenza.

Kurzbeschreibung Influenza A(H5N1)

Das Reservoir der Erreger der aviären Influenza sind Wasservögel. Seit 2003 haben sich Erreger der (für Geflügel hochpathogenen) aviären Influenza A(H5N1) bei Wildvögeln und Hausgeflügel in mehr als 60 Ländern auf 3 Kontinenten ausgebreitet. Zu Erkrankungen von Menschen kam es bisher vorwiegend durch engen, direkten Kontakt mit erkranktem oder totem Geflügel. In mehreren außereuropäischen Ländern gab es Cluster mit mindestens 2 epidemiologisch verbundenen menschlichen Fällen, die größtenteils auf eine gemeinsame Exposition zu Geflügel zurückgeführt wurden. Es ist allerdings wahrscheinlich, dass vereinzelt Übertragungen von Mensch zu Mensch stattgefunden haben.

Insgesamt bestätigte die WHO von 2003 bis Februar 2016 (Datenstand: 25.02.2016) bei 846 Personen aus 16 Ländern (Ägypten, Aserbaidschan, Bangladesch, China, Dschibuti, Indonesien, Irak, Kambodscha, Kanada, Laos, Myanmar, Nigeria, Pakistan, Thailand, Türkei und Vietnam)

Erkrankungen an aviärer Influenza A(H5N1). Die höchsten Fallzahlen wurden dabei von 2004 bis 2005 in Vietnam, von 2006 bis 2008 in Indonesien und von 2009 bis 2015 in Ägypten (2015: 136) verzeichnet. In 2015 war insbesondere die hohe Zahl an humanen Erkrankungen mit A(H5N1)-Infektionen in Ägypten bemerkenswert. Insgesamt verliefen 449 Erkrankungen (53 %) tödlich.

Im Jahr 2015 wurden 143 Erkrankungsfälle mit 42 Todesfällen (29 %) bestätigt und somit eine geringere Letalität als in den vorangegangenen Jahren verzeichnet (2013: 64 %, 2012: 63 %, 2011: 55 %). Im Jahr 2014 war die Letalität mit 42 % deutlich höher als im Jahr 2015. Während von 2003 bis Februar 2016 in Indonesien 84 % (167/199) der Fälle tödlich verliefen, betrug der Anteil Verstorbener in Ägypten 34 % (116/346). Die von Jahr zu Jahr schwankende Letalität kann demnach teilweise durch eine jeweils unterschiedliche geografische Verteilung der verschiedenen zirkulierenden Influenza-A(H5N1)-Virusstämme (Clades) sowie der je nach Gesundheitssystem der Landes unterschiedlich schnellen Identifikation und nachfolgenden Behandlung der Fälle bedingt sein.

Kurzbeschreibung Influenza A(H7N9)

Im April 2013 wurde in China bei Hühnern, Enten und zum Verzehr bestimmten Tauben sowie in Umgebungsproben von Geflügelmärkten ein neues aviäres (für Geflügel niedrig pathogenes) Influenza-A(H7N9)-Virus identifiziert, nachdem dieses Virus zunächst erstmals bei 3 schwer erkrankten Menschen in Shanghai und der Provinz Anhui nachgewiesen worden war. Die Influenza A(H7N9)-Viren zirkulieren weiterhin in China und haben im I. Quartal 2015 zu 207 menschlichen Infektionen geführt. Bis zum 15.03.2016 wurden insgesamt 751 Fälle an die WHO gemeldet, darunter 294 (39 %) Todesfälle. Bis auf insgesamt 3 Fälle, die in Kanada bzw. in Malaysia identifiziert wurden, nachdem sie aus China eingereist waren, wurden alle Fälle bei in den betroffenen Regionen von China einschließlich Hongkong wohnenden Personen festgestellt. Eine begrenzte Mensch-zu-Mensch-Übertragung konnte in 17 untersuchten Häufungen nicht ausgeschlossen werden, zu einer fortgesetzten Übertragung zwischen Menschen ist es bisher aber nicht gekommen. Epidemiologische Untersuchungen der Fälle und ihrer Kontaktpersonen ergaben,

dass viele Patienten vor Erkrankungsbeginn Kontakt mit Vögeln bzw. Geflügel hatten oder Geflügelmärkte besuchten, sodass eine Infektion dort als sehr wahrscheinliche Infektionsquelle gilt. Die Schließung von Geflügelmärkten z. B. in Shanghai führte im Sommer 2014 zu einem raschen Rückgang der neu identifizierten humanen Fälle. Seit Ende 2014 stieg die Anzahl – möglicherweise einem saisonalen Rhythmus folgend – an, seit Sommeranfang 2015 ging sie wieder zurück. Unklarheit herrscht nach wie vor über das eigentliche Reservoir sowie über die Pathogenität des Virus für den Menschen.

Kurzbeschreibung Influenza A(H5N6)

Möglicherweise bedingt durch die intensiviertere Influenzasurveillance in China wegen des Auftretens von humanen Fällen mit Influenza A(H7N9), wurden insgesamt 10 labor diagnostisch bestätigte humane Fälle mit (für Geflügel hoch pathogener) aviärer Influenza A(H5N6) von 2013 bis zum 25. Februar 2016 identifiziert und an die WHO berichtet, darunter 6 Todesfälle.

Situation in Deutschland

In Deutschland besteht seit 2007 eine Meldepflicht für Verdachts-, Erkrankungs- und Todesfälle von aviärer Influenza beim Menschen gemäß der AIMPV (Aviäre-Influenza-Meldepflicht-Verordnung). Das RKI hat für humane Fälle mit Influenza-A(H5N1)- und -A(H7N9)-Infektion jeweils eine Falldefinition zur Fallfindung, Meldung und Übermittlung veröffentlicht. Bei einigen wenigen humanen Verdachtsfällen von Influenza A(H7N9), die 2014 gemäß AIMPV gemeldet und gemäß § 12 Abs. 1 IfSG an das RKI übermittelt wurden, konnte das Nationale Referenzzentrum für Influenza den Verdacht auf aviäre Influenzavirus-Infektion nach Analyse der Patientenproben in allen Fällen ausschließen.

Nach 2009 wurde im November 2014 erstmals wieder hochpathogene aviäre Influenza (HPAI) in einer Geflügelhaltung in Deutschland festgestellt. Das bis dahin in Europa noch nie identifizierte HPAI-A(H5N8)-Virus wurde nachfolgend auch in Geflügelbeständen in den Niederlanden und im Vereinigten Königreich sowie im Januar 2015 in weiteren Geflügelbeständen in Deutschland nachgewiesen. Im Vereinigten Königreich gab

es 2014 und 2015 einen Nachweis von HPAI A(H7N7) in einem einzelnen Hühnerbestand, und auch Deutschland war im Juli 2015 von einem HPAI-A(H7N7)-Ausbruch in einem Legehennenbestand betroffen; direkte epidemiologische Zusammenhänge zwischen diesen Ausbrüchen bestanden nicht. Im Januar 2015 begann eine Serie von Influenza-A(H5N2)- und -A(H5N8)-Ausbrüchen, die 15 Bundesstaaten in den USA und zwei in Kanada betraf. Es wurden in Nordamerika insgesamt mehr als 200 Geflügelpestausbüche und über 45 Millionen Tierverluste gemeldet. Infektionen wurden auch bei mehr als 70 Wasservögeln bekannt. Humane Erkrankungen bei Geflügelarbeitern, die im Zuge der Eindämmung der Ausbrüche exponiert waren, sind nicht identifiziert worden.

In Deutschland wurden bislang keine humanen Erkrankungs- oder Todesfälle durch aviäre Influenza übermittelt.

Das Europäische Zentrum für Krankheitsprävention und -Kontrolle (ECDC) bewertete die Situation bezüglich aviärer Influenza jeweils in China und in Ägypten in einer Risikoeinschätzung in den Jahren 2014 und 2015. Danach können weitere sporadische Fälle und eine geografische Ausbreitung möglicherweise in angrenzenden Ländern auftreten. Das Risiko importierter Fälle nach Europa wurde als sehr gering eingeschätzt. Einzelne importierte Fälle können auch für Deutschland nicht grundsätzlich ausgeschlossen werden.

Literaturhinweise

- Harder TC, Buda S, Hengel H, et al.: *Poultry food products – a source of avian influenza virus transmission to humans?* Clinical Microbiology and Infection 2016; 22(2):141–146. DOI:10.1016/j.cmi.2015.11.015
- Lam TT, Zhou B, Wang J, et al.: *Dissemination, divergence and establishment of H7N9 influenza viruses in China.* Nature 2015; 522:102–105. DOI:10.1038/nature14348
- Adlhoch C, Gossner C, Koch G, et al. (2014) *Comparing introduction to Europe of highly pathogenic avian influenza viruses A(H5N8) in 2014 and A(H5N1) in 2005.* www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20996.
- Höffken G, Kern P, Buchholz U, Ewig S, Schaberg T: *Informationen und Empfehlungen der Deutschen Gesellschaft für Pneumologie und Beatmungsmedizin e.V. und der Paul-Ehrlich-Gesellschaft für Chemotherapie e.V. zum Ausbruch der Influenza A(H7N9)-Virus-Infektion beim Menschen.* Pneumologie 2013; 67:599–604.
- Buda S, Buchholz U, Haas W: *Das Gefährdungspotenzial ist gering, aber nicht gleich null.* Dt Ärztebl 2013; 110:A-924/B-806/C-802.
- WHO (2016) *Zoonotic influenza viruses: antigenic and genetic characteristics and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness.* <http://www.who.int/entity/wer/2016/wer9111.pdf?ua=1>.
- WHO (2015) *Human cases of influenza at the human-animal interface, January 2014–April 2015.* <http://www.who.int/entity/wer/2015/wer9028.pdf?ua=1>.
- ECDC (2015) *Human infection with avian influenza A(H5N1) virus, Egypt – first update.* <http://ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/Rapid-Risk-Assessment-Influenza-A-H5N1-Egypt-March-2015.pdf>.
- ECDC (2015) *Situation overview: highly pathogenic avian influenza virus A of H5 type – 4 December 2015.* <http://ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/highly-pathogenic-avian-influenza-virus-A-H5-rapid-risk-assessment-2-dec-2015.pdf>.
- RKI: *Aviäre Influenza (Geflügelpest, Vogelgrippe).* www.rki.de/DE/Content/InfAZ/A/AviaereInfluenza/AviaereInfluenza.html

6.24 Keuchhusten

Kurzbeschreibung

Der Keuchhusten ist eine hochansteckende respiratorische Infektionskrankheit, die durch das gram-negative Bakterium *Bordetella pertussis*, seltener durch *B. parapertussis* verursacht wird. Nach unspezifischen, erkältungsähnlichen Symptomen von 1 bis 2 Wochen Dauer entwickelt sich der charakteristische anfallartige Husten, der häufig mit Atemnot und Erbrechen einhergeht und erst über mehrere Wochen bis Monate abklingt. Bei Jugendlichen oder Erwachsenen ist das klinische Bild häufig weniger stark ausgeprägt. Bei Säuglingen können klinisch Apnoen im Vordergrund stehen. Komplikationen treten vor allem bei Säuglingen auf, darunter am häufigsten Pneumonien, Atelektasen und Otitis media; seltener treten zerebrale Krampfanfälle oder Enzephalopathien auf. Gegen *B. pertussis* stehen verschiedene Totimpfstoffe zur Verfügung. Während der Keuchhusten in den östlichen Bundesländern bereits seit 2002 basierend auf Landesverordnungen meldepflichtig war, besteht erst seit dem 29.03.2013 gemäß IfSG eine bundesweite Meldepflicht für Ärzte und Labore.

Falldefinition

Von 13.895 im Jahr 2015 übermittelten Keuchhusten-Fällen erfüllten 4.895 (35 %), wegen Fehlens oder Nichterfüllung der Kriterien für das klinische Bild, nicht die Referenzdefinition. Dieser Anteil war deutlich höher als im Vorjahr (26 %; 4.344 von 16.683 Erkrankungen) und mit 41 % (4.552 von 11.036 Erkrankungen) in den westlichen Bundesländern deutlich höher als in Berlin und den 5 östlichen Bundesländern mit 12 % (339 von 2.927 Erkrankungen). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die 9.000 Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.24.1).

Zeitlicher Verlauf

Gegenüber dem Vorjahr nahm die Zahl der übermittelten Erkrankungen um 27 % ab. Die Keuchhusten-Erkrankungen traten im gesamten Jahresverlauf auf, jedoch häufiger im I. Quartal und IV. Quartal mit 30 % bzw. 28 % aller Fälle (s. Abb. 6.24.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 11 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (Vorjahr 15). Mit Ausnahme von Sachsen lag die Inzidenz in den östlichen Bundesländern (Berlin, Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen-Anhalt und Thüringen) über diesem Wert, während dies für nur ein westliches Bundesland – Bayern – der Fall war (s. Abb. 6.24.2). Angaben zum Infektionsland lagen für 6.146 Erkrankungen (68 %) vor (Mehrfachangaben möglich: insg. 6.163 Nennungen). Die Erkrankung wurde nach diesen Angaben über-

wiegend in Deutschland erworben (98 % der Nennungen).

Demografische Verteilung

Die höchste Krankheitslast lag mit 27 Erkr./100.000 Einw. bei Säuglingen. Die Inzidenz lag bei den 1- bis 9-jährigen Kindern deutlich niedriger (15), stieg aber bei den 10- bis 14-Jährigen wieder auf 21 an. Bei den 15- bis 19-Jährigen lag die Inzidenz bei 16 und bei Erwachsenen im Alter von 20 bis 79 Jahren zwischen 7,3 und 11. Ab dem Alter von 80 Jahren wurde die niedrigste Inzidenz (4,0) beobachtet.

Insgesamt lag die Inzidenz bei weiblichen Personen mit 12 Erkr./100.000 Einw. höher als bei männlichen (9,9). Nur bei Säuglingen und Kleinkindern im Alter bis 2 Jahre sowie bei den über 79-Jährigen verhielt es sich umgekehrt (s. Abb. 6.24.3).

Nachgewiesene Erreger

Angaben zum Erreger lagen nur für 5.742 der 9.000 (64 %) übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen vor. Davon waren 97 % *B. pertussis* und 3 % *B. parapertussis*. Von den 147 *B.-parapertussis*-Erkrankungen hatten jedoch 77 (52 %) lediglich einen serologischen Nachweis, obwohl ein solcher nur für *B. pertussis* spezifisch ist. *B. parapertussis* kann ausschließlich mittels kulturellem oder PCR-Nachweis festgestellt werden.

Klinische Aspekte

Für 7.180 der Fälle (80 %) lag eine Angabe zur Hospitalisierung vor. Von diesen wurden 408 (6 %) über-

Tab. 6.24.1:
Übermittelte Keuchhusten-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	370	2 %	252	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	11.969	72 %	8.748	63 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	2.916	17 %	3.096	22 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.428	9 %	1.799	13 %
alle	16.683	100 %	13.895	100 %
Referenzdefinition (B+C)	12.339	74 %	9.000	65 %

Abb. 6.24.1:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2014 (n=12.339) und 2015 (n=9.000)

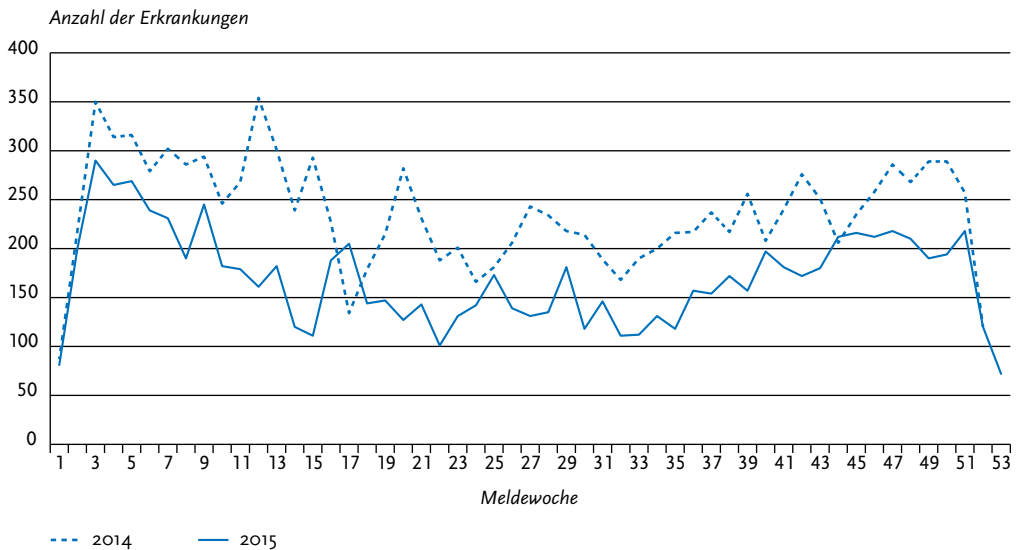


Abb. 6.24.2:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n= 8.999)

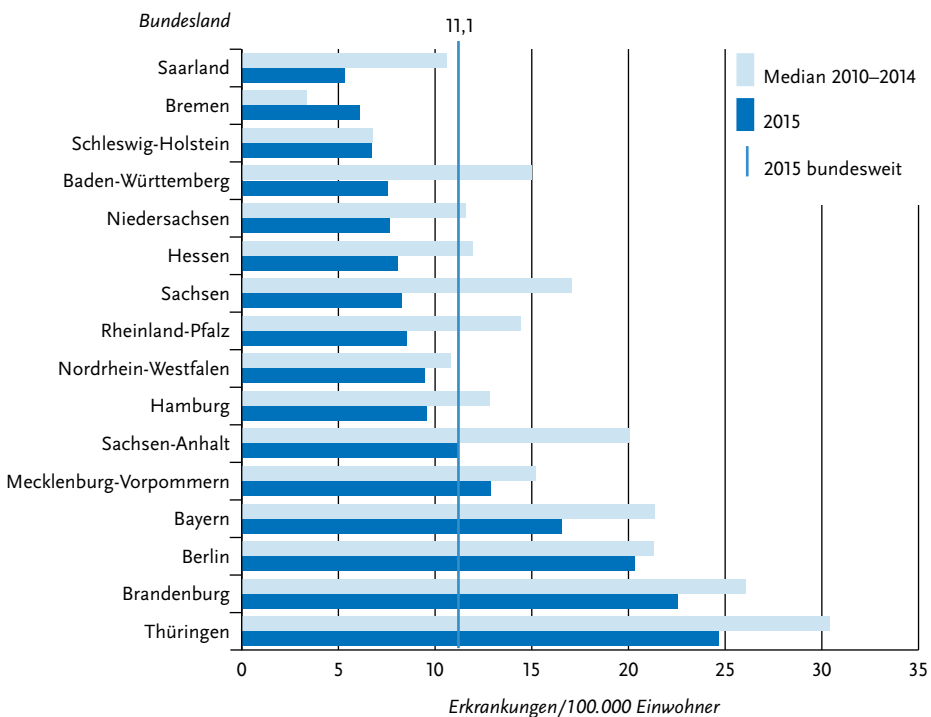
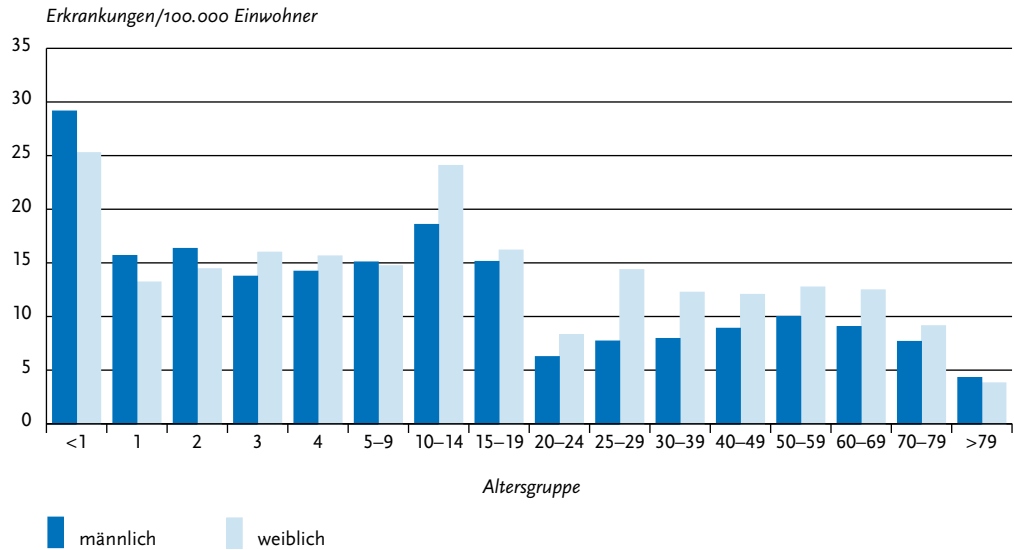


Abb. 6.24.3:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=8.977)



aufgrund ihrer Erkrankung im Krankenhaus behandelt. Dieser Anteil war bei erkrankten Säuglingen mit 55 % (91 von 166) deutlich höher als in den anderen Altersgruppen: Bei 1- und 2-jährigen Kindern lag er noch bei 13 % bzw. 10 %, bei den Altersgruppen zwischen 3 und 69 Jahren bei 3 %, bei 70- bis 79-jährigen bei 12 % und ab dem Alter von 80 Jahren bei 18 %. Apnoen wurden bei 24 % der 186 übermittelten Erkrankungen bei Säuglingen angegeben. Es wurden keine Todesfälle infolge von Keuchhusten übermittelt.

Impfstatus

Eine Grundimmunisierung gegen Pertussis bestehend aus 4 Impfdosen eines hochdosierten azellulären pertussishaltigen Impfstoffs (aP) ist für alle Kinder im Alter von 2, 3, 4 und 11 bis 14 Monaten empfohlen. Auffrischimpfungen werden im Vorschul- und Jugendalter sowie für Erwachsene bei der nächsten fälligen Tetanus-Diphtherie-Impfung mit einem niedrigdosierten azellulären pertussishaltigen Impfstoff (ap) empfohlen. Die Entscheidung, ob bei einem beobachteten Impfstatus ein Immunschutz zu erwarten ist, basiert auf diesen

Empfehlungen, die wiederum auf Studien zur Immunogenität und Impfeffektivität beruhen. Tabelle 6.24.2 zeigt für verschiedene Altersgruppen die Mindestanzahl erforderlicher Impfdosen und die erwartete Dauer des Immunschutzes ab dem Zeitpunkt der letzten Impfung, wobei der Immunschutz erst 3 Wochen nach der letzten Impfung als zuverlässig gilt. Dementsprechend werden Erkrankungen, die bei einer altersentsprechenden Anzahl von Impfungen und im Zeitfenster mit anzunehmendem Immunschutz auftreten, als wahrscheinliche Impfdurchbrüche gewertet.

In die Analyse der Impfdurchbrüche wurden nur Erkrankungen eingeschlossen, für die eine Erregerangabe »*B. pertussis*« vorlag, oder solche mit fehlender Erregerangabe, für die ein serologischer Nachweis von Pertussistoxin-Antikörpern vorlag (7.984 Erkrankungen) (s. Abb. 6.24.4). Dieser Nachweis ist spezifisch für *B. pertussis*. Da *B. parapertussis* nicht impfpräventabel ist, wurden Fälle mit der Erregerangabe »*B. parapertussis*« sowie mit fehlender Erregerangabe ohne serologischen Nachweis ausgeschlossen. Von den eingeschlossenen Fällen lag für 6.368 (80 %) eine Angabe zum

Impfstatus vor; davon waren 3.976 (62 %) nicht geimpft und 2.392 (38 %) geimpft. Von den als geimpft übermittelten Fällen waren die Angaben zur Bewertung des Impfstatus, nämlich die Anzahl der Impfdosen oder das Datum der letzten Impfung bzw. das Alter bei der letzten Impfung bei 1.029 (43 %) unvollständig oder nicht plausibel, so dass der Impfstatus nur für 1.363 Fälle bewertet werden konnte. Somit war der Impfstatus bei 5.339 Fällen bewertbar (3.976 Fälle mit der Angabe, nie geimpft worden zu sein, und 1.363 Fälle mit vollständigen Angaben zu erhaltenen Impfungen); dies waren 67 % der 7.984 Pertussis-Fälle, die in die Analyse der Impfdurchbrüche einbezogen wurden. Von den als geimpft übermittelten Fällen wurde bei 855 der Impfstatus als vollständig bewertet; es handelt sich daher um wahrscheinliche Impfdurchbrüche. Dies waren 36 % der als geimpft übermittelten Fälle und 16 % aller Fälle mit bewertbarem Impfstatus. Somit waren 84 % der übermittelten Fälle mit bewertbarem Impfstatus unzureichend oder gar nicht geimpft.

Ausbrüche

Insgesamt 950 der 9.000 (11 %) übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen traten im Rahmen von 342 Häufungen auf. Von diesen Häufungen hatten 320 weniger als 5 Erkrankungen (758 Fälle) und 22 mindestens 5 Fälle (192 Fälle). Bei den 22 Häufungen mit mindestens 5 Fällen lag für 14 eine Angabe zum Umfeld vor. Von diesen traten 9 (64 %) in Kindertagesstätten oder Schulen, 4 (29 %) in privaten Haushalten und einer (7 %) verstreut auf. Die Mehrzahl der Häufungen mit < 5 Fällen trat in Privathaushalten auf (85 % der 199 Häufungen mit Angabe zum Umfeld) gefolgt von Kindertagesstätten oder Schulen (10 %).

Datenqualität

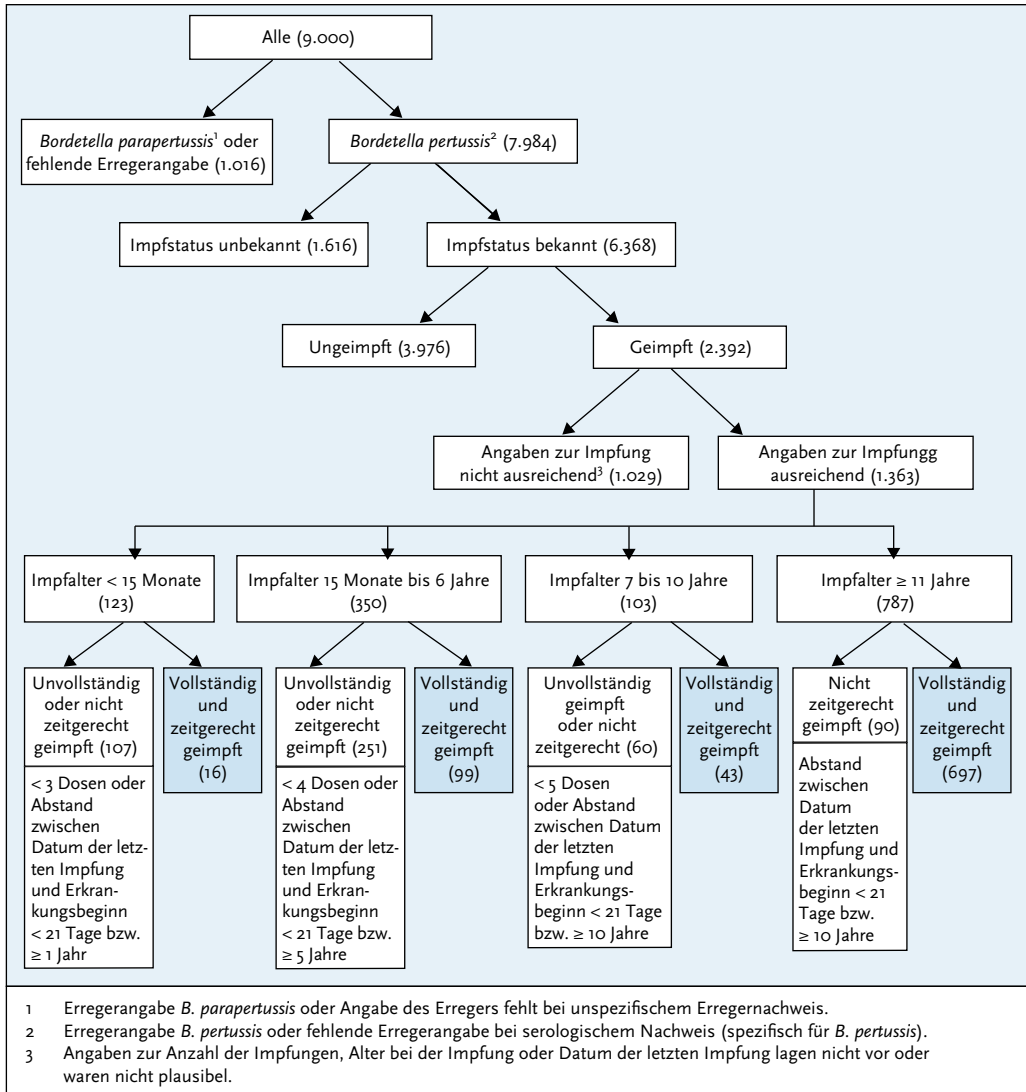
Der hohe Anteil von Fällen, der wegen Nichterfüllung der Kriterien für das klinische Bild die Referenzdefinition nicht erfüllt (s. Tab. 6.24.1), könnte verschiedene Gründe haben. Möglicherweise melden Labore, die meist ein automatisiertes Meldeverfahren nutzen, vollständiger als Ärzte, bei denen die Meldepflicht insbesondere in den westlichen Bundesländern erst allmählich bekannt wird (in den östlichen Bundesländern bestanden schon seit 2002 Meldepflichten beruhend auf Landesverordnungen). Aufgrund des hohen Meldeaufkommens ist die Ermittlung der klinischen Kriterien für die Gesundheitsämter mit hohem Aufwand verbunden. Ferner musste die Meldesoftware in den Gesundheitsämtern erst für die Erfassung der Kriterien der Keuchhusten-Falldefinition angepasst werden, die zum Beginn der bundesweiten Meldepflicht Ende März 2013 und nochmal zum 01.01.2015 überarbeitet wurde. Daher konnten auch 2015 noch bei einem Teil der Gesundheitsämter nicht alle Kriterien erfasst und übermittelt werden. Letzteres Problem erklärt möglicherweise auch den hohen Anteil fehlender Angaben zum Erreger.

Der Erregernachweis fehlte bei über einem Drittel aller übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen. Bei Fällen mit Angabe zum Erreger machten Parapertussis-Erkrankungen jedoch mit 3 % nur einen kleinen Teil aller Keuchhusten-Erkrankungen aus. Allerdings wurden 52 % dieser Erkrankungen als serologisch gesichert ausgewiesen, obwohl keine serologische Nachweismethode spezifisch für Parapertussis anzusehen ist, so dass der tatsächliche Anteil der Parapertussis-Erkrankungen etwas niedriger liegt. Durch den großen Anteil

Tab. 6.24.2: Anzahl erforderlicher Dosen eines pertussishaltigen Impfstoffs und erwartete Dauer des Immunschutzes ab der letzten Impfung nach Lebensalter

Alter	< 15 Monate	15 Monate–6 Jahre	7–10 Jahre	≥ 11 Jahre
Anzahl erforderlicher Impfdosen	3	≥ 4	≥ 5	≥ 1
Erwartete Dauer des Immunschutzes ab der letzten Impfung	1 Jahr	5 Jahre	10 Jahre	10 Jahre

Abb. 6.24.4:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2015 (n = 9.000)



von Fällen mit fehlender Erregerangabe bleibt dies bezüglich jedoch eine hohe Unsicherheit bestehen.

Bei einem hohen Anteil (20 %) der übermittelten Pertussis-Erkrankungen fehlte die Angabe des Impfstatus. Zudem waren bei 43 % der als geimpft angegebenen Fälle die Angaben zur Anzahl der

erhaltenen Impfdosen und zum Datum der letzten Impfung nicht ausreichend, um den Impfstatus zu bewerten. Zur validen Bewertung des Impfstatus müssen diese Angaben möglichst vollständig ermittelt und dokumentiert werden. Ferner wurde bei 13 % der Fälle (125 von 937), die als ausreichend

geimpft eingestuft wurden, ein einmaliger serologischer Nachweis in den 12 Monaten vor der Erkrankung als einziger labordiagnostischer Nachweis angegeben, obwohl ein serologischer Nachweis bei dieser Konstellation entsprechend den Empfehlungen des ECDC nicht aussagekräftig ist. Bei diesen Fällen handelt es sich möglicherweise um falsch-positive Diagnosen, wodurch die Anzahl der wahrscheinlichen Impfdurchbrüche in dieser Auswertung überschätzt wird. In der seit 2015 gültigen Falldefinition befindet sich ein entsprechender Hinweis zur Bewertung der Diagnostik am Gesundheitsamt.

Fazit

Die Krankheitslast durch Keuchhusten in Deutschland ist mit 11 Erkr./100.000 Einw. beträchtlich. Besonders stark betroffen sind die Säuglinge (27 Erkr./100.000 Einw.), die häufig hospitalisiert werden müssen und ein hohes Risiko für Komplikationen tragen. Es ist jedoch auch davon auszugehen, dass durch Probleme bei der Ermittlung oder Erfassung von klinischen Kriterien die Inzidenz insgesamt unterschätzt wird, da 35 % der übermittelten Fälle zwar labordiagnostisch gesichert waren, jedoch die klinische Falldefinition – und daher die Referenzdefinition – nicht erfüllten. Die höheren Inzidenzen in den östlichen Bundesländern stehen nicht im Einklang mit den im Vergleich zu den westlichen Bundesländern höheren Impfquoten und beruhen vermutlich auf den dort schon seit 2002 bestehenden Meldepflichten nach Landesverordnungen und der auch dadurch bedingten besseren Erfassung von klinischen Kriterien.

Der im Vergleich zu anderen impfpräventablen Krankheiten hohe Anteil an Impfdurchbrüchen unter den Fällen steht im Einklang mit früheren Beobachtungen aus den neuen Bundesländern und neueren Erkenntnissen zu einer relativ schnellen Abnahme der Impfeffektivität in den Jahren nach der Impfung. Dennoch war die Mehrzahl der Pertussis-Fälle – sofern die Angaben ausreichend waren – unzureichend oder gar nicht geimpft (84 %) und hätte daher zu einem großen Teil verhindert werden können.

Literaturhinweise

- Forsyth K, Plotkin S, Tan T, Wirsing von König CH: *Strategies to decrease pertussis transmission to infants*. *Pediatrics* 2015; 135:e1475–e1482.
- Haller S, Dehnert M, Karagiannis I, et al.: *Effectiveness of routine and booster pertussis vaccination in children and adolescents, federal State of Brandenburg, Germany, 2002–2012*. *Pediatr Infect Dis J* 2015; 34: 513–519.
- Schroeder S, Hellenbrand W, Rimek D: *Husten ohne Ende? Epidemiologie des Keuchhustens in Thüringen*. *Arzteblatt Thüringen* 2014; 25:700–704.
- Böhmer MM, Hellenbrand W, Matysiak-Klose D, et al.: *Pertussis-Impfquoten bei Erwachsenen in Deutschland*. *Dtsch Med Wochenschr* 2013; 138:1451–1457.
- Cherry JD: *Pertussis: challenges today and for the future*. *PLoS Pathog* 2013; 9:e1003418.
- Guiso N, Berbers G, Fry NK, et al.: *What to do and what not to do in serological diagnosis of pertussis: recommendations from EU reference laboratories*. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis* 2011; 30:307–312.
- ECDC: *Guidance and Protocol for the serological diagnosis of human infection with Bordetella pertussis*. 2012. <http://ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/bordetella-pertussis-guidance-protocol-serological-diagnosis.pdf>
- ECDC: *Guidance and protocol for the use of realtime PCR in laboratory diagnosis of human infection with Bordetella pertussis or Bordetella parapertussis*. 2012. <http://ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/Guidance-protocol-PCR-laboratory-diagnosis-bordetella-pertussis-parapertussis.pdf>
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland, 2014*. *Epid Bull* 2016; 16:129–134.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut/Stand: August 2015*. *Epid Bull* 2015; 34:327–362.
- RKI: *Keuchhusten-Erkrankungen in den neuen Bundesländern, 2002 bis 2012*. *Epid Bull* 2014; 1:1–11.

6.25 Kryptosporidiose

Kurzbeschreibung

Die Kryptosporidiose ist eine Darminfektion, die durch Parasiten der Gattung *Cryptosporidium* verursacht wird. *C. parvum* wird von infizierten Menschen und Tieren, z. B. Hunden, Katzen, Rindern und Schafen, mit dem Kot ausgeschieden. *C. hominis* kommt fast ausschließlich beim Menschen vor. Die Übertragung der Erreger erfolgt fäkal-oral, über verunreinigtes Wasser oder kontaminierte Lebensmittel. Normalerweise heilt die Erkrankung nach oft wochenlang anhaltenden Bauchschmerzen und Durchfällen von selbst aus, allerdings

kann es bei abwehrgeschwächten Patienten zu schweren chronischen und unter Umständen tödlichen Verläufen kommen.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.25.1).

Seit der Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 gilt auch der Nukleinsäurenachweis (z. B. PCR) als labordiagnostischer Nachweis einer Kryptosporidiose. Im Jahr 2015 erfolgte der labordiagnostische Nachweis ausschließlich mit dieser Methode bei insgesamt 81 (11%) der gemäß Falldefinition 2015 übermittelten Kryptosporidiosen (s. Tab 6.25.2).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden insgesamt 1.735 Kryptosporidiosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies

entspricht einer Abnahme gegenüber dem Vorjahr um 9%. Die bundesweite Inzidenz der Kryptosporidiose lag bei 2,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und damit deutlich über dem Median der 5 Vorjahre (1,7).

Kryptosporidiosen unterliegen ausgeprägten saisonalen Schwankungen mit höheren Inzidenzen in der zweiten Jahreshälfte. Im Jahr 2015 zeigte sich diese Saisonalität in einer erhöhten Zahl Erkrankter im Zeitraum von Ende Juli bis Mitte November (s. Abb. 6.25.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich. Während Baden-Württemberg und Bremen (jeweils < 1,0 Erkr./100.000 Einw.) die niedrigsten Inzidenzen verzeichneten, wurden in Mecklenburg-Vorpommern (8,3), Sachsen (6,1), Berlin (4,6) und Sachsen-Anhalt (4,5) die höchsten Inzidenzen festgestellt. Im Vergleich zum Median der Inzi-

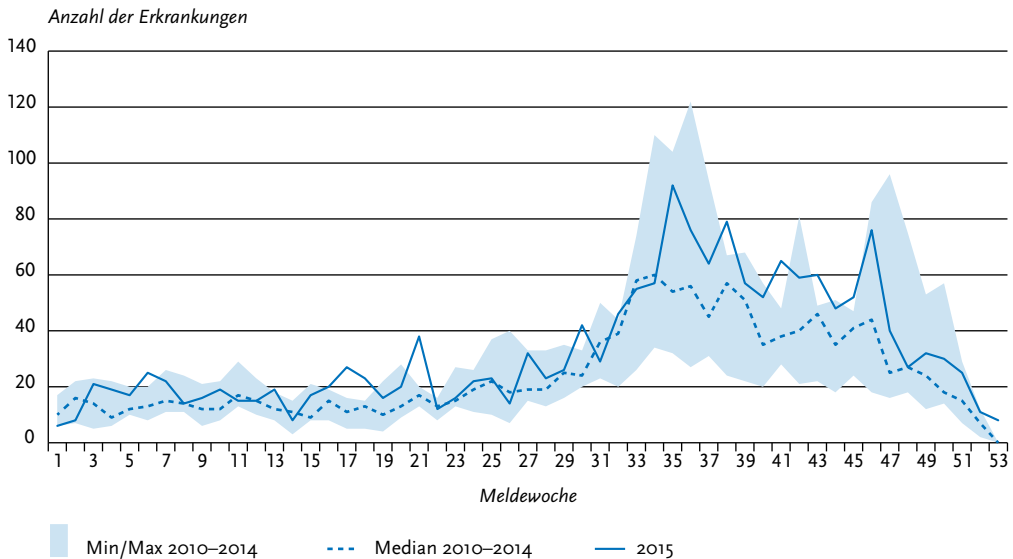
Tab. 6.25.1: Übermittelte Kryptosporidiose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	181	9%	39	2%
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.718	83%	1.696	87%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	73	4%	57	3%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	103	5%	150	8%
alle	2.075	100%	1.942	100%
Referenzdefinition (B+C)	1.899	92%	1.735	89%

Tab. 6.25.2: Übermittelte Kryptosporidiosen (Referenzdefinition, n=1.735); Auswirkung der Falldefinitionsänderung, Deutschland, 2015

	Falldefinition vor 2015	Falldefinition 2015
	Anzahl	Anzahl
Referenzdefinition (B+C)	977	758
davon mit Angabe zum Labornachweis	915	741
davon auch gemäß der jeweils anderen Falldefinition laborbestätigt	915	660
davon nur durch in Falldefinition 2015 hinzugekommene Nachweise laborbestätigt	–	81

Abb. 6.25.1:
Übermittelte Kryptosporidiosen nach Meldewoche, Deutschland, 2015 (n=1.735) im Vergleich mit den Vorjahren



denz der 5 Vorjahre wurde im Saarland (134%), in Schleswig-Holstein (111%) und in Hamburg (105%) eine besonders starke relative Zunahme verzeichnet (s. Abb. 6.25.2).

Bei 1.203 übermittelten Erkrankungen (69%) lagen Angaben zum möglichen Infektionsland vor (insgesamt 1.221 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 74% der Nennungen auf Deutschland. Die am häufigsten genannten anderen Infektionsländer waren Spanien (3%), die Türkei und Italien (jeweils 2%).

Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen traten bei Kindern im Alter unter 10 Jahren auf. Besonders hoch war sie bei den Ein- und 2-Jährigen (12 bzw. 10 Erkr./100.000 Einw.). Insgesamt 52% der Betroffenen waren weiblich (s. Abb. 6.25.3).

Klinische Aspekte

Bei 1.722 (99%) der übermittelten Kryptosporidiosen wurde mindestens ein Symptom angegeben (insgesamt 2.805 Nennungen). Dabei wurde Durchfall mit 57% der Nennungen häufiger als

Bauchschmerzen (43%) genannt. Im Jahr 2015 wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit einer Kryptosporidiose übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 34 Ausbrüche mit insgesamt 101 Erkrankungen übermittelt (2014: 24 Ausbrüche mit 237 Erkrankungen), was 6% der übermittelten Kryptosporidiosen entspricht. Die überwiegende Mehrzahl der Ausbrüche (32 von 34) wurde mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen übermittelt. Ein Ausbruch mit 15 Fällen wurde aus Sachsen übermittelt. Er betraf eine Gruppe von Kindern, die in einer Milchviehanlage Kontakt mit infizierten Kälbern gehabt hatten. Ein weiterer größerer Ausbruch mit 14 Fällen, der aus Mecklenburg-Vorpommern übermittelt wurde, betraf eine Schulklasse und war ebenfalls auf Kontakt mit infizierten Rindern zurückzuführen.

Datenqualität

Man muss davon ausgehen, dass vor allem bei erwachsenen Patienten mit Durchfallssymptomatik nicht routinemäßig auf *Cryptosporidium* getestet

Abb. 6.25.2:
 Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=1.735) im Vergleich mit den Vorjahren

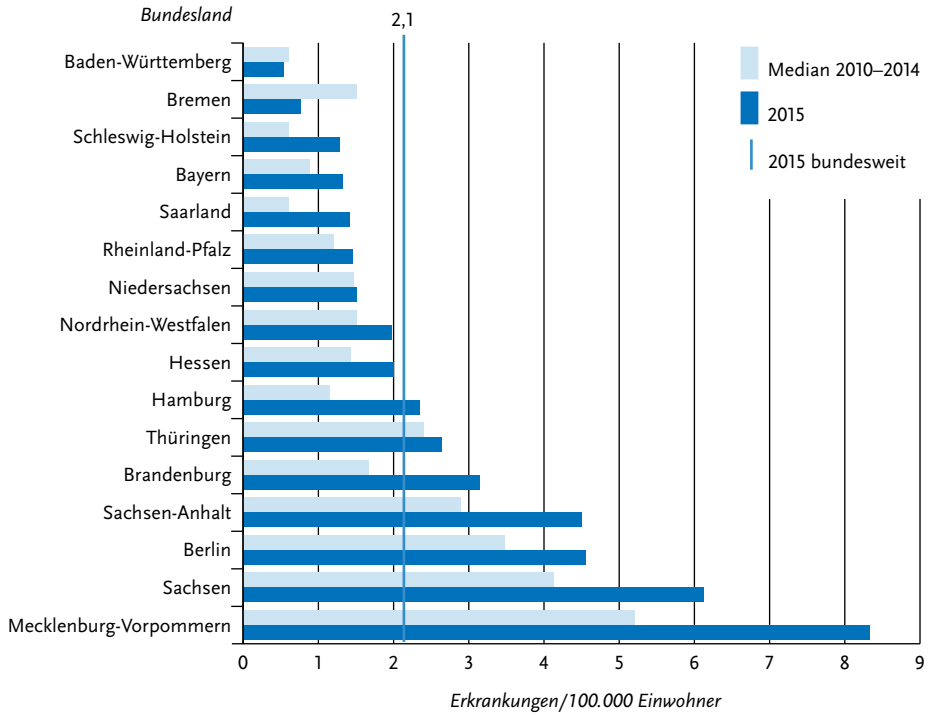
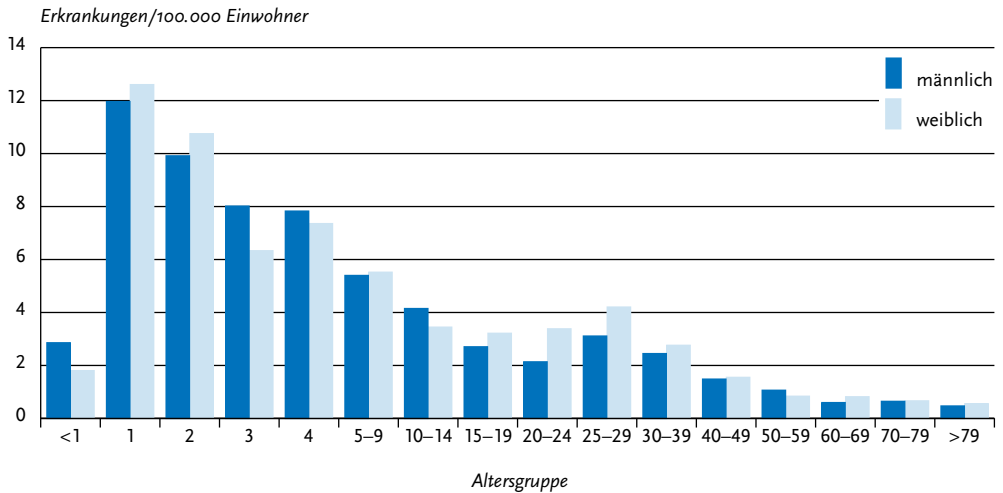


Abb. 6.25.3:
 Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=1.734)



wird, was zu einer Untererfassung von Kryptosporidiose in dieser Altersgruppe führen würde. Damit ließe sich die niedrigere Inzidenz bei Erwachsenen im Vergleich zu Kindern zumindest teilweise erklären. Bei der Spezies *C. hominis*, die in den letzten Jahren häufiger Ausbrüche beim Menschen verursacht hat, handelt es sich um den ehemaligen Genotyp 1 von *C. parvum*. Seit 29.03.2013 sind alle humanpathogenen *Cryptosporidium*-Spezies meldepflichtig.

Die in der Routinediagnostik gängigen Methoden (Antigennachweis, mikroskopischer Nachweis) erlauben keine Differenzierung der Spezies.

Literaturhinweise

- Gertler M, Dürr M, Renner P, et al.: *Outbreak of cryptosporidium hominis following river flooding in the city of Halle (Saale), Germany, August 2013*. BMC Infect Dis 2015. www.biomedcentral.com/1471-2334/15/88
- Fournet N, Degee MP, Urbanus AT, et al. (2013) *Simultaneous increase of Cryptosporidium infections in the Netherlands, the United Kingdom and Germany in late summer season, 2012*. Euro Surveill 2013. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20348
- Davies AP, Chalmers RM: *Cryptosporidiosis*. BMJ 2009; 339:963–967.

6.26 Läuserückfallfieber

Kurzbeschreibung

Rückfallfieber wird durch *Borrelia recurrentis* hervorgerufen. Die Bakterien werden durch Kleiderläuse von Mensch zu Mensch übertragen. Einfache Hygienemaßnahmen, insb. Kleiderwechsel und -reinigung, verhindern die Ausbreitung. Für den Krankheitsverlauf sind wiederholte fiebrige Episoden charakteristisch.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2015 wurden dem RKI 43 Erkrankungen an Läuserückfallfieber übermittelt. Zuletzt wurde in den Jahren 2002 und 2004 jeweils eine Erkrankung an Läuserückfallfieber erfasst. Alle Fälle wurden von der 32. bis 53. Meldewoche übermittelt. Bei allen 43 Fällen handelte es sich um Asylsuchende vom Horn von Afrika. Jeweils ein Fall wur-

de aus Hamburg, Rheinland-Pfalz, Hessen und Niedersachsen übermittelt, aber 39 Fälle (91%) aus Bayern. Gründe für diese ungleiche Verteilung umfassen vermutlich neben der typischen Ankunft der Asylsuchenden über die deutsch-österreichische Grenze auch eingespielte Diagnostikbeziehungen zwischen Krankenhäusern in Bayern und dem NRZ für Borrelien am Bayerischen Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit.

Bei einer typischen Inkubationszeit von bis zu 15 Tagen, wiederholten Krankheitsschüben und Personen, die in kurzer Folge durch verschiedene Länder reisen, ist die Feststellung des Infektionslandes nicht einfach. Angaben zum möglichen Infektionsland wurden in 23 Fällen gemacht (12-mal Somalia, 10-mal Libyen, 1-mal Italien). Unter zusätzlicher Auswertung der Angaben in Kommentaren, ergibt sich folgende Verteilung der Geburtsländer: 39-mal Somalia (91%), 3-mal Eritrea, 1-mal Äthiopien.

Die Erkrankten waren zwischen 14 und 35 Jahre alt, 41 waren männlich (95%). Ein 33-jähriger Somalier verstarb an Läuserückfallfieber.

Zusammenhänge zwischen den Fällen wurden nicht berichtet, jedoch deuten die verfügbaren Angaben auf ähnliche Fluchtrouten durch Sudan, Libyen, Italien und Österreich nach Deutschland. Sekundärfälle in Deutschland traten nicht auf.

Zusätzlich zu den diagnostizierten und übermittelten Fällen gibt es vermutlich eine Dunkelziffer von Fällen, die entweder keine medizinische Hilfe gesucht haben oder ohne vorausgehende Diagnostik eine geeignete Behandlung erfahren haben.

Läuserückfallfieber ist endemisch in den Ländern am Horn von Afrika, tritt jedoch vor allem in Form von saisonalen Ausbrüchen auf. Obwohl auch in den Vorjahren Asylsuchende aus dieser Region in Deutschland angekommen sind, wurden in vielen Vorjahren und bis zum Herbst 2015 keine derartigen Fälle in Deutschland gemeldet. Es ist unklar, ob das plötzliche Auftreten dieser fluchtassoziierten Infektionen eine Folge der Läuserückfallfieber-Epidemiologie am Horn von Afrika oder auf der Fluchtroute widerspiegelt. Zusätzlich gab es eine erhöhte Aufmerksamkeit auf diese Krankheit in Deutschland, nachdem die Niederlande im Sommer 2015 die ersten derartigen Fälle veröffentlicht hatten.

Literaturhinweise

- Lucchini A, Lipani F, Costa C, et al.: *Louseborne Relapsing Fever among East African Refugees, Italy, 2015*. Emerg Infect Dis 2016; 22:298.
- Ciervo A, Mancini F, di Bernardo F, et al.: *Louseborne Relapsing Fever in Young Migrants, Sicily, Italy, July–September 2015*. Emerg Infect Dis 2016; 22:152.
- Wilting K, Stienstra Y, Sinha B, et al.: *Louse-borne relapsing fever (Borrelia recurrentis) in asylum seekers from Eritrea, the Netherlands, July 2015*. Euro Surveill 2015. <http://www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21196>
- Hoch M, Wieser A, Löscher T, et al. (2015) *Louse-borne relapsing fever (Borrelia recurrentis) diagnosed in 15 refugees from northeast Africa: epidemiology and preventive control measures, Bavaria, Germany, July to October 2015*. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21282
- Goldenberger D, Claas G, Bloch-Infanger C: *Louse-borne relapsing fever (Borrelia recurrentis) in an Eritrean refugee arriving in Switzerland, August 2015*. Euro Surveill 2015. <http://www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21204>
- RKI: Rückfallfieber – selten aber ernst zu nehmen. Epid Bull 2000; 44:349–352.

6.27 Legionellose

Kurzbeschreibung

Die Legionellose ist eine Atemwegserkrankung, die durch Bakterien der Gattung *Legionella* hervorgerufen wird. Man unterscheidet das Pontiac-Fieber, das durch Fieber, Husten und Muskelschmerzen charakterisiert ist, und die schwerer verlaufende Legionärskrankheit, die mit einer Pneumonie einhergeht. Als besondere Risikogruppen gelten Immungeschwächte, Menschen mit chronischen Erkrankungen sowie ältere Menschen und Raucher. Eine Infektion erfolgt in der Regel durch das Einatmen erregerehaltiger Aerosole (generiert durch häusliche oder öffentliche Wassersysteme wie z. B. Duschen, Whirlpools etc. oder durch industrielle Anlagen wie z. B. Rückkühlwerke). Ferner kann eine Infektion auch durch die (Mikro-) Aspiration von kontaminiertem Wasser erfolgen. Eine direkte Übertragung von Mensch zu Mensch ist nicht bekannt. Epidemiologisch werden im privaten/beruflichen Umfeld erworbene, reiseassoziierte und in Krankenhäusern/Pflegeeinrichtungen erworbene Legionellosen unterschieden.

Falldefinition

Im Jahr 2015 wurde die Falldefinition für die Übermittlung von Legionellose geändert. In der aktualisierten Version gilt der einmalige Antikörpernachweis mittels Immunfluoreszenztest (IFT) nur noch für den Nachweis von *Legionella pneumophila* der Serogruppe 1. Beim Nukleinsäurenachweis (z. B. PCR) erfüllt zusätzlich zum Nachweis aus Sekreten des Respirationstraktes, Lungengewebe und Pleuralflüssigkeit auch der Nachweis aus anderen sterilen klinischen Materialien die Falldefinition.

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.27.1). In Deutschland entspricht nur die Legionärskrankheit, nicht aber das Pontiac-Fieber der Referenzdefinition.

Von den Gesundheitsämtern wurden – je nach eingesetzter Software – 62 % (n=542) der Legionellosen nach Alter und 38 % (n=338) nach neuer Falldefinition erfasst und übermittelt (Tab. 6.27.2). Darunter waren 38 nach alter Falldefinition erfasste Fälle, die die neue Falldefinition nicht mehr erfüllen würden (labordiagnostischer Nachweis nur durch einen einmaligen Antikörpernachweis, obwohl es sich nicht um *L. pneumophila* der Serogruppe 1 handelt).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden insgesamt 880 Legionellosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Im Vergleich zum Vorjahr (858 Erkrankungen) wurden somit 22 Erkrankungsfälle mehr erfasst, was einem Anstieg der Fallzahlen von 2,6 % entspricht.

Die übermittelten Erkrankungszahlen weisen jedes Jahr einen saisonalen Verlauf mit einem Maximum im III. Quartal auf (s. Abb. 6.27.1). Die generell höheren Fallzahlen in den Sommer- und Herbstmonaten sind sowohl auf im privaten/beruflichen Umfeld erworbene als auch auf reiseassoziierte Legionellosen zurückzuführen. Bei ersten spielen vermutlich höhere Wassertemperaturen, die das Wachstum von Legionellen in der Umwelt begünstigen, eine Rolle, bei letzteren dagegen eine vermehrte Reiseaktivität in den Sommermonaten und den damit verbundenen Infektionsrisiken (z. B. Hotelaufenthalte). Ursache für die vergleichsweise hohe Fallzahl im III. Quartal des Jahres 2013 war seinerzeit ein größerer Ausbruch in Nordrhein-Westfalen.

Tab. 6.27.1:
Übermittelte Legionellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	0%	2	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	857	87%	878	85%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	61	6%	92	9%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	64	7%	65	6%
alle	983	100%	1.037	100%
Referenzdefinition (B+C)	858	87%	880	85%

Tab. 6.27.2:
Übermittelte Legionellosen (Referenzdefinition, n=880); Auswirkung der Falldefinitionsänderung, Deutschland, 2015

	Falldefinition vor 2015	Falldefinition 2015
	Anzahl	Anzahl
Referenzdefinition (B+C)	542	338
davon mit Angabe zum Labornachweis	527	336
davon auch gemäß der jeweils anderen Falldefinition laborbestätigt	489	336
davon nur durch Nachweise laborbestätigt, die in Falldefinition 2015 entfallen sind	38	–
davon nur durch in Falldefinition 2015 hinzugekommene Nachweise laborbestätigt	–	0

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag – wie im Vorjahr – bei 1,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (s. Abb. 6.27.2). Die mit Abstand höchste Inzidenz wurde mit 3,5 in Bremen registriert, gefolgt von Berlin mit einer Inzidenz von 2,7. Im Vergleich zum Median der Jahre 2010 bis 2014 war die Inzidenz 2015 in fast allen Bundesländern höher. Insbesondere in Bremen und in Berlin wurden deutliche Zunahmen registriert, was in Bremen auf ein Ausbruchsgeschehen mit 19 Fällen im November/Dezember 2015 (s. u.) zurückzuführen war. In Mecklenburg-Vorpommern und Hamburg sowie in Baden-Württemberg und Hessen wurde eine geringere bzw. weitgehend unveränderte Inzidenz beobachtet.

Bei 398 (45%) der insgesamt 880 Erkrankungen wurde mindestens ein Infektionsland ge-

nannt, wobei Deutschland mit einem Anteil von 82% (332 von 405 Nennungen) am häufigsten angegeben wurde. In 18% (73 der 405 Nennungen) wurde ein Auslandsaufenthalt übermittelt. Das am häufigsten genannte Land war dabei – wie schon im vergangenen Jahr – Italien mit insgesamt 16 Nennungen. Es folgten mit jeweils 7 Nennungen Frankreich, Spanien und die Türkei (s. Tab. 6.27.3).

Demografische Verteilung

Die Altersverteilung zeigt, dass Erkrankungen vorwiegend bei Erwachsenen – insbesondere im höheren Alter – übermittelt wurden, während Kinder und junge Erwachsene bis zu einem Alter von 29 Jahren kaum betroffen waren. Der Altersmedian der Erkrankten lag bei 62 Jahren. Die geschlechtsspezifische Inzidenz war bei Männern (1,6) rund 2,6-mal so hoch wie bei Frauen (0,6). Dieser Un-

Abb. 6.27.1:
Übermittelte Legionellosen nach Meldequartal, Deutschland, 2010 bis 2015

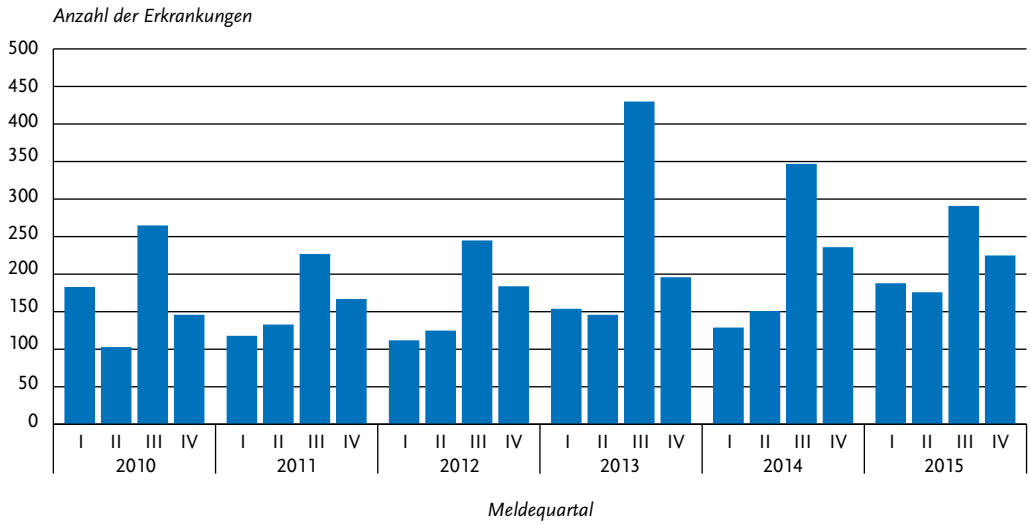
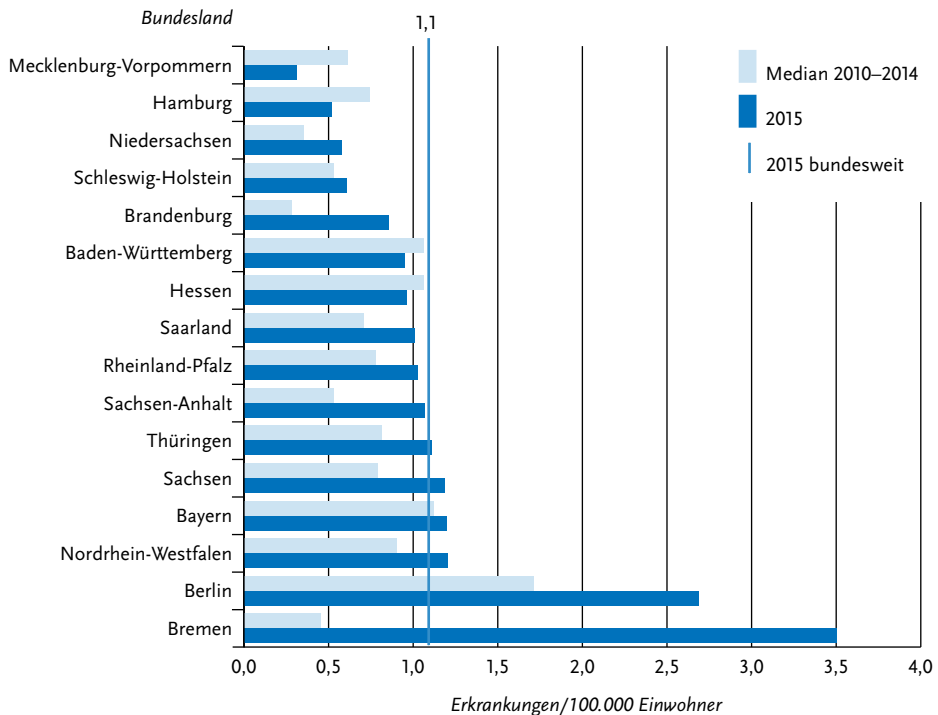


Abb. 6.27.2:
Übermittelte Legionellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=880) im Vergleich mit den Vorjahren



Tab. 6.27.3:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Legionellosen, Deutschland, 2015 (Mehrfachnennungen möglich, 398 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

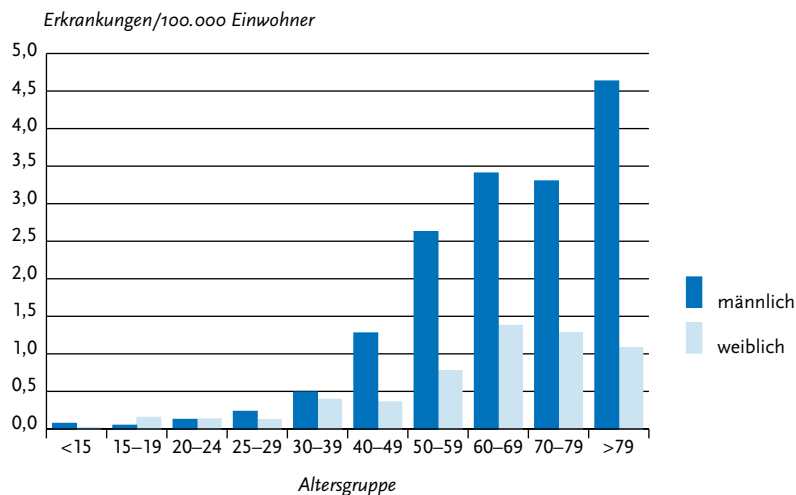
Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	332	82%
Italien	16	4%
Frankreich	7	2%
Türkei	7	2%
Spanien	7	2%
Griechenland	5	1%
Österreich	4	1%
Vereinigte Arabische Emirate	4	1%
Thailand	3	1%
Vereinigte Staaten von Amerika	2	0%
Kroatien	2	0%
Andere	16	4%
Summe	405	100%

terschied tritt aber erst ab einem Alter von 40 Jahren deutlich hervor (s. Abb. 6.27.3).

Nachgewiesene Erreger

Für 853 (97%) der 880 übermittelten Fälle lagen Angaben zum Erreger vor. Bei 192 (23%) Fällen wurde lediglich *Legionella* spp. angegeben. Für 661 Fälle (77%) waren nähere Informationen zum Erreger vorhanden. Davon konnten 649 Erkrankungen (98%) der Spezies *L. pneumophila* zugeordnet werden. Weitere 12 Fälle (1,8%) entfielen auf andere, nicht näher beschriebene Legionellen-Spezies. Von den 649 *L. pneumophila*-Fällen lagen bei 389 (60%) zusätzlich Angaben zur Serogruppe vor. Mit insgesamt 351 Fällen (90%) überwog dabei die Serogruppe 1. Andere Serogruppen kamen nur einzeln vor: Die Serogruppe 3 wurde in 4 Fällen übermittelt und die Serogruppe 8 in 3 Fällen. Die Serogruppen 5, 6, 7 sowie die Serogruppen 10 und 14 wurden jeweils einmal übermittelt. Bei 24 Fällen wurde die Serogruppe nicht genau bestimmt, sondern zur Charakterisierung lediglich ein Serumpool-Antigen inklusive Serogruppe 1 verwendet. In 2 weiteren Fällen wurde die Angabe »andere Serogruppe« übermittelt.

Abb. 6.27.3:
Übermittelte Legionellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=880)



Klinische Aspekte

Von 860 Fällen mit Angabe zum Krankheitsverlauf verstarben 46 (35 Männer, 11 Frauen) infolge der Legionellen-Pneumonie. Dies entspricht einer Letalität von 5,3%. Gegenüber dem Vorjahr sind die Anzahl der Todesfälle sowie die Letalität leicht gestiegen (2014: Letalität 4,3%; 36 Todesfälle unter 829 Erkrankten mit entsprechenden Angaben) und liegen auf dem Niveau von 2013 (Letalität 5,2%; 48 von 922 Fällen).

Vermutliche Infektionsquellen

Bei 384 der 880 Fälle (44%) ist mindestens eine Angabe zur Exposition übermittelt worden (Mehrfachnennung möglich). Zusätzlich zu diesen Angaben wurden für die Auswertung der vermutlichen Infektionsquelle auch die angegebenen Expositionszeiten berücksichtigt. Darüber hinaus wurden auch Angaben zu Krankenhausaufenthalten herangezogen, die mit dem übermittelten Erkrankungsbeginn abgeglichen und so auf das Vorliegen einer im Krankenhaus erworbenen Infektion überprüft wurden. Fälle, bei denen anhand der übermittelten Angaben eine reiseassoziierte bzw. im Krankenhaus erworbenen Erkrankung definitiv ausgeschlossen werden konnte, wurden als »community acquired«, also als ambulant im privaten/beruflichen Umfeld erworben, eingestuft. Fällen, bei denen mehrere mögliche Expositionen in der Inkubationszeit vorlagen, wurde eine Exposition nach folgender Hierarchie zugewiesen: Krankenhaus/Pflegeeinrichtung → reiseassoziiert → privates/berufliches Umfeld.

Unter den oben genannten Voraussetzungen konnte für zusätzliche 36 Fälle eine mögliche Exposition innerhalb der 2 bis 10 Tage vor Erkrankungsbeginn zugeordnet werden, so dass für insgesamt 420 (48%) der 880 Fälle eine entsprechende Zuordnung vorlag. Mit 240 (57%) der 420 zuordenbaren Fälle steht eine Exposition im privaten/beruflichen Umfeld an erster Stelle. An zweiter Stelle standen reiseassoziierte Erkrankungen, bei denen die Erkrankung wahrscheinlich während eines Aufenthaltes in einem Hotel oder ähnlichen Reiseunterkünften erworben wurde (155 Fälle; 37%). An dritter Stelle folgten 18 (4%) im Krankenhaus erworbene Erkrankungen. Der Aufenthalt in einer Pflegeeinrichtung kam in 7 Fällen (2%) als mögliche Infektionsursache in Betracht.

Im Vergleich zum Vorjahr ist der Anteil der Fälle, die einer Exposition im privaten/beruflichen Umfeld zugeordnet werden konnten, von 62% (223 von 362 Fällen) auf 57% (240 von 420 Fällen) gesunken, wenngleich die absolute Zahl leicht gestiegen ist. Bei reiseassoziierten Fällen wurde gegenüber dem Vorjahr eine Zunahme von 28% (102 von 362 Fällen) auf 37% (155 von 420 Fällen) registriert. Die Anzahl der im Krankenhaus erworbenen Erkrankungen blieb 2014 und 2015 annähernd gleich (19 bzw. 18 Fälle). Gleiches gilt auch für Erkrankungsfälle mit einer Exposition im Pflegeheim (6 bzw. 7 Fälle). Im Krankenhaus bzw. Pflegeheim erworbene Fälle machten 2015 insgesamt 6% aus.

Ausbrüche

Im Jahr 2015 wurden dem RKI 4 Häufungen übermittelt: Ein größerer Ausbruch mit insgesamt 19 Fällen – darunter ein Todesfall – ereignete sich im November/Dezember 2015 in Bremen. Bei den Erkrankten handelte es sich um 15 Männer und 4 Frauen im Alter von 39 bis 83 Jahren. Die Erkrankten hatten alle eine Exposition im privaten bzw. beruflichen Umfeld innerhalb der Stadt Bremen. Mit Hilfe der im Konsiliarlabor für Legionellen durchgeführten Feintypisierung konnte bei zwei Patienten eine Infektion durch *L. pneumophila* der Serogruppe 1 Subtyp Benidorm ST 2151 nachgewiesen werden. Trotz umfassender epidemiologischer Untersuchungen, die von den zuständigen Gesundheitsbehörden vor Ort eingeleitet wurden, konnte die ursächliche Infektionsquelle jedoch bislang nicht identifiziert werden.

Drei kleinere Häufungen umfassten jeweils 2 Fälle. Ein Geschehen betraf einen 70-jährigen Mann und eine 69-jährige Frau, die sich auf einer Italienreise befanden und sich möglicherweise während eines Aufenthaltes in einem Hotel am Gardasee infiziert haben. Diese beiden Fälle wurden an ELDSNet (das europäische Netzwerk für reiseassoziierte Legionärskrankheit) gemeldet. Bei einem weiteren – ebenfalls reiseassoziierten – Geschehen handelte es sich um zwei Männer im Alter von 37 und 44 Jahren, die sich während der Inkubationszeit auf einem Zeltplatz in Bayern aufhalten und sich womöglich dort infiziert hatten, Näheres ist nicht bekannt. Die dritte übermittelte Häufung betraf einen 41-jährigen Mann und eine

37-jährige Frau, weitere Angaben zum Geschehen wurden vom zuständigen Gesundheitsamt jedoch nicht mitgeteilt.

Datenqualität

Es ist davon auszugehen, dass die im Rahmen des Meldewegs erfassten Fälle nur einen Bruchteil der tatsächlichen Erkrankungen repräsentieren. Da das klinische Bild allein keine Rückschlüsse auf den ursächlichen Erreger einer Pneumonie zulässt, kann dieser nur durch eine spezifische Erregerdiagnostik festgestellt werden. Jedoch ist anzunehmen, dass in der Praxis zu selten eine entsprechende Legionellen-Diagnostik veranlasst wird und daher viele Erkrankungen nicht als solche erkannt werden und es somit zu einer hohen Untererfassung kommt. Nach Schätzungen des deutschen Kompetenznetzwerks für ambulant erworbene Pneumonien (CAPNETZ) geht man jährlich von etwa 15.000 bis 30.000 Fällen von Legionärskrankheit aus.

Gemäß Falldefinition des RKI erfüllt ein Erkrankungsfall das klinische Bild nur, wenn auch eine Pneumonie vorgelegen hat. Es zeigt sich jedoch, dass von den 880 Fällen, die 2015 gemäß Referenzdefinition übermittelt wurden, in knapp 3 % der Fälle (n=25) keine Angabe zum Vorhandensein einer Pneumonie vorlag, obwohl das klinische Bild als erfüllt angegeben wurde.

Ferner liegt der Anteil der labordiagnostisch bestätigten Fälle mit unbekanntem klinischen Bild (Falldefinitions-kategorie E) 2015 unverändert bei rund 6 % (65 Fälle; 2014: 64 Fälle) und damit deutlich höher als in früheren Jahren (2011: 2 Fälle, 0,3 %; 2012: 4 Fälle; 0,5 %).

Fazit

Die Legionärskrankheit kommt vor allem bei Erwachsenen vor, wobei Männer ein höheres Erkrankungsrisiko haben als Frauen. Nach den vorliegenden Daten wird die Legionärskrankheit hauptsächlich ambulant im privaten/beruflichen Umfeld erworben oder im Rahmen einer Reise und den damit verbundenen Hotelaufenthalten. Aber auch der stationäre Aufenthalt in einem Krankenhaus oder einer anderen medizinischen Einrichtung kann – insbesondere für ältere Menschen mit vorhandenen Grunderkrankungen oder einem geschwächten Immunsystem – ein erhöhtes Infektionsrisiko darstellen.

Angesichts der hohen Unterschätzung, aber auch mit Blick auf eine adäquate antibiotische Behandlung und insbesondere bei der Möglichkeit einer im Krankenhaus erworbenen Legionärskrankheit, sollte bei Pneumonien immer auch eine spezifische Labordiagnostik auf Legionellen veranlasst werden.

Da die Legionärskrankheit nur in der Umwelt erworben und nicht von Mensch zu Mensch übertragen wird, sollte hinsichtlich des Präventionspotentials prinzipiell immer versucht werden, die Infektionsursache zu ermitteln und durch die Einleitung geeigneter Schutzmaßnahmen zu beseitigen, um so weiteren Erkrankungen vorzubeugen. Insbesondere in Krankenhäusern und Pflegeheimen sollte angesichts der besonders vulnerablen Population auf mögliche Fälle von Legionärskrankheit geachtet werden und schon beim Auftreten eines einzelnen Falles eine umgehende epidemiologische Untersuchung zur Aufdeckung und Beseitigung der Infektionsquelle eingeleitet werden. Um die klinischen Isolate mit den entsprechenden Umweltproben abgleichen und so den Zusammenhang mit einer Infektionsquelle herstellen zu können, sollten einerseits Legionellen aus klinischem Material (tiefe Atemwegsprobe, z. B. Sputum oder Trachealsekret) in Kultur isoliert und andererseits im Wassersystem der vermuteten Infektionsquelle die Legionellen-Konzentration sowie die Spezies samt Serogruppe ermittelt werden. Die Notwendigkeit eines solchen Abgleichs haben die in den vergangenen Jahren aufgetretenen größeren Ausbrüche von ambulant erworbenen Legionellen-Pneumonien eindrücklich gezeigt: Durch den genetischen Vergleich der Umweltproben mit vorliegenden Isolaten aus Patientenmaterial war es möglich, die ursächlichen Infektionsquellen zu finden.

Literaturhinweise

- Maisa A, Brockmann A, Renken F, et al.: *Epidemiological investigation and case-control study: a Legionnaires' disease outbreak associated with cooling towers in Warstein, Germany, August–September 2013*. Euro Surveill 2015. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21303
- Phin N, Parry-Ford F, Harrison T, et al.: *Epidemiology and clinical management of Legionnaires' disease*. Lancet Infect Dis 2014; 14:1011–1021.

Beauté J, Zucs P, de Jong B: *Legionnaires' disease in Europe, 2009–2010*. Euro Surveill 2013. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20417

de Jong B, Hallström L, Robesyn E, et al.: *Travel-associated Legionnaires' disease in Europe, 2010*. Euro Surveill 2013. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20498

RKI: *Legionärskrankheit in Deutschland (2001 bis 2013)*. Epid Bull 2015; 13:95–106.

6.28 Lepra

Kurzbeschreibung

Lepra wird durch *Mycobacterium leprae* hervorgerufen. Der Erreger scheint auf den Menschen beschränkt zu sein. Nach einer Inkubationszeit von 9 Monaten bis zu maximal 20 Jahren können sehr verschiedenartige klinische Symptome auftreten. Diese umfassen Hauterscheinungen und Nervenschädigungen, die zu Sensibilitätsstörungen und Lähmungen führen können. Nach Art der Gewebereaktion werden lepromatöse Lepra, tuberkuloide Lepra und Übergangsformen zwischen beiden (so genannte Borderline-Lepra) unterschieden.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2015 wurde keine Erkrankung an Lepra erfasst. Übermittelt wurde lediglich ein Nachweis von *Mycobacterium leprae*, bei dem das klinische Bild gemäß Falldefinition nicht erfüllt war.

Literaturhinweise

RKI: *Lepra – ein weiterhin spannendes und Streitbares Thema*. Epid Bull 2016; 3:23–24.

RKI: *Reisessozierte Infektionskrankheiten 2013*. Epid Bull 2014; 42:407–415.

6.29 Leptospirose

Kurzbeschreibung

Pathogene Bakterien des Genus *Leptospira* sind die Erreger der weltweit verbreiteten Leptospirose, deren natürliche Wirte neben Ratten und Mäusen auch zahlreiche weitere Haus-, Nutz- und Wildtiere sind. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt hauptsächlich durch den direkten oder mittelbaren Kontakt mit dem Urin infizierter Tiere, in seltenen Fällen auch durch kontaminiertes Blut oder Gewebe. Häufig verläuft die Infektion beim Menschen als unspezifische, grippeähnliche Erkrankung, jedoch treten regelmäßig auch lebensbedrohliche Formen mit Blutungsneigung, Leber- und Nierenversagen (Morbus Weil) auf.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.29.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden 86 Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt, was einer Inzidenz von 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner entspricht. Die Anzahl der Erkrankungen ging wieder in etwa auf das Niveau derjenigen Vorjahre zurück, in denen keine größeren Ausbrüche auftraten. Dem gegenüber waren die Jahre 2007 und 2014 von je einem Ausbruch mit 33 bzw. 47 Fällen geprägt. (s. Abb. 6.29.1).

Zwischen Juli und Oktober wurden 37 der 86 Fälle (43 %) übermittelt. Damit war die Saisonalität, die in den Vorjahren beobachtet werden konnte, mit verstärktem Aufkommen im Sommer und Frühherbst, schwächer ausgeprägt.

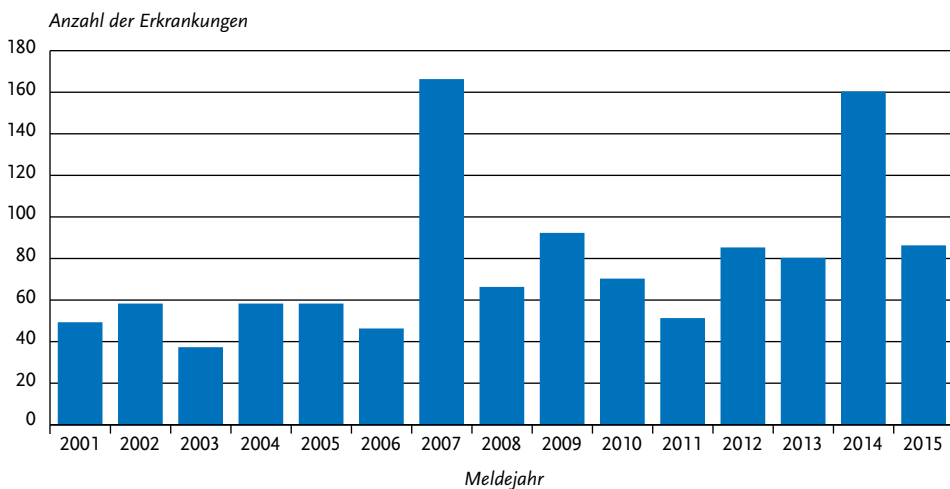
Geografische Verteilung

Mit Ausnahme des Saarlandes waren alle Bundesländer betroffen, wobei die höchste Inzidenz in Mecklenburg-Vorpommern beobachtet wurde (0,3 Erkr./100.000 Einw.). Für 71 Fälle wurde mindestens ein Infektionsland genannt. Deutschland wurde in 63 % (45 Nennungen) als Infektionsland angegeben (2014: 85 %). Die 23 Nennungen für nicht-autochthone Infektionen verteilten sich auf das europäische Ausland (6), Asien (9), Amerika (5), Afrika (2) und Australien (1).

Tab. 6.29.1:
Übermittelte Leptospirose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	37	22 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	123	73 %	86	88 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	6	4 %	4	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	3	2 %	8	8 %
alle	169	100 %	98	100 %
Referenzdefinition (B+C)	160	95 %	86	88 %

Abb. 6.29.1:
Übermittelte Leptospirosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015



Demografische Verteilung

Die am stärksten betroffene Altersgruppe waren, mit einer Inzidenz von 0,2 Erkr./100.000 Einw., die 50- bis 59-Jährigen. Insgesamt 65 Erkrankte (76 %) waren männlich.

Nachgewiesene Erreger

Unter den 9 Erkrankungen, bei denen Angaben zu einem Serovar vorlagen, wurde in 3 Fällen *Leptospira* spp. Serovar Icterohaemorrhagiae und in

jeweils einem Fall Serovar Pyrogenes, Serovar Saxkoebing, Serovar Sejroe, Serovar Bataviae, Serovar Canicola und Serovar Copenhageni angegeben.

Klinische Aspekte

Es wurde ein Todesfall im Zusammenhang mit Leptospirosen übermittelt, wobei keine genaueren Informationen über das klinische Bild oder die Infektionsquelle vorlagen.

Ausbrüche

Im Jahr 2015 wurden keine Leptospirose-Ausbrüche übermittelt.

Datenqualität

Die Angaben zur Häufigkeit der einzelnen nachgewiesenen Serovare können nicht als Hinweis auf die möglicherweise zirkulierenden Leptospiren-Serovare gewertet werden, da eine sichere Identifizierung durch Anzucht der Bakterien in den meisten Fällen nicht erfolgt ist. Die Untererfassung für Leptospirose-Erkrankungen ist aufgrund der Variabilität des Krankheitsbildes und der häufig milden Krankheitsverläufe wahrscheinlich erheblich.

Literaturhinweise

- Goris M, Boer K, Duarte T, Kliffen S, Hartskeerl R: *Human leptospirosis trends, the Netherlands, 1925–2008*. Emerg Infect Dis 2013; 19:371–378.
- Desai S, van Treeck U, Lierz M, et al.: *Resurgence of field fever in a temperate country: an epidemic of leptospirosis among seasonal strawberry harvesters in Germany in 2007*. Clin Infect Dis 2009; 15:691–697.
- Jansen A, Stark K, Schneider T, Schöneberg I: *Sex differences in clinical leptospirosis in Germany: 1997–2005*. Clin Infect Dis 2007; 44:e69–72.
- Jansen A, Schöneberg I, Frank C, Alpers K, Schneider T, Stark K: *Leptospirosis in Germany, 1962–2003*. Emerg Infect Dis 2005; 11:1048–1054.

6.30 Listeriose

Kurzbeschreibung

Erkrankungen durch das Bakterium *Listeria monocytogenes* treten in verschiedenen Formen auf. Die Listeriose-Gastroenteritis äußert sich durch Durchfall mit unterschiedlichem Schweregrad. Invasive Infektionen während der Schwangerschaft (Schwangerschafts-Listeriose) können sich als Fieber oder grippeähnliche Beschwerden äußern und infolge einer intrauterinen oder perinatalen Übertragung zu Fehl-, Früh-, Totgeburt oder zur Geburt eines geschädigten Kindes (Neugeborenen-Listeriose) führen. Bei anderen invasiven Listeriosen, die nicht mit einer Schwangerschaft im Zusammenhang stehen und die vor allem bei älteren oder ab-

wehrgeschwächten Patienten auftreten, kann es auch zu Blutstrominfektionen und Entzündungen der Hirnhäute oder des Gehirns kommen. Die Übertragung von *L. monocytogenes* erfolgt zumeist durch den Konsum kontaminierter Lebensmittel.

Falldefinition

Im Jahr 2015 wurde die Referenzdefinition auf alle labordiagnostisch bestätigten Fälle unabhängig von der Angabe von klinischen Informationen ausgedehnt, vorausgesetzt der Labornachweis erfolgte aus Blut, Liquor oder anderen normalerweise sterilen klinischen Materialien (s. Tab. 6.30.1).

Ebenfalls im Jahr 2015 wurden die klinischen und labordiagnostischen Kriterien für Listeriose in der Falldefinition angepasst. Beim klinischen Bild wurden einzelne Kriterien ergänzt. Dadurch erfüllten 27 Fälle, die nach der neuen Falldefinition erfasst wurden, das klinische Bild, das sie nach der alten Falldefinition nicht erfüllt hätten. Bei den Labornachweisen wurde der Nukleinsäurenachweis (z. B. PCR) aufgenommen. Derart laborbestätigt wurden 7 Fälle, die nach der alten Falldefinition ohne Laborbestätigung geblieben wären. Insgesamt wurde etwa ein Drittel (234) der Listeriosen des Jahres 2015 nach der Falldefinition 2015 erfasst, zwei Drittel (428) jedoch noch nach der alten Falldefinition (s. Tab. 6.30.2).

Zwar betrifft die Meldepflicht gemäß § 7 IfSG nur Nachweise aus normalerweise sterilen Materialien, aus Abstrichen vom Neugeborenen oder aus Abstrichen von mütterlichem Gewebe. Jedoch ist gemäß § 6 Abs.1 Nr.2 IfSG auch die akute infektiöse Listeriose-Gastroenteritis bei Personal im Umgang mit Lebensmitteln bzw. bei Fällen im Rahmen eines Ausbruchsgeschehens meldepflichtig. Letztere fallen, sofern die klinischen Kriterien erfüllt sind und ein epidemiologischer Zusammenhang besteht, in die Kategorie B, in der in diesem Jahr durch einen großen Gastroenteritis-Ausbruch (s. u.) ungewöhnlich viele Fälle übermittelt wurden.

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.30.1).

Listeriose-Gastroenteritis-Ausbruch in Paderborn

In der 12. Kalenderwoche ereignete sich im Landkreis Paderborn ein Gastroenteritis-Ausbruch. Er betraf 149 Kinder, 2 Jugendliche und 8 Erwachsene

Tab. 6.30.1:
Übermittelte Listeriose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015.
Für 2015 zusätzlich differenziert nach Version der Falldefinition bei Erfassung

Kategorie	2014		2015 gesamt		Falldefinition vor 2015		Falldefinition 2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	11	2%	82		80	17%	2	1%
klinisch-labordiagnostisch (C)	592	85%	553	78%	346	72%	207	88%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	50	7%	43	6%	30	6%	13	6%
davon bei Kind im ersten Lebens- monat (D*)	5		2		2			
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	41	6%	35	5%	23	5%	12	5%
davon bei Kind im ersten Lebens- monat (E*)	1		0		0			
alle	694	100%	713	100%	479	100%	234	100%
Referenzdefinition	B+C+D*+E*		B+C+D*+E*		B+C+D*+E*		B+C+D+E	
	609	88%	662	93%	428	89%	234	100%

Tab. 6.30.2:
Übermittelte Listeriosen (Referenzdefinition, n=662); Auswirkung der Falldefinitionsänderung, Deutschland, 2015

	Falldefinition vor 2015	Falldefinition 2015
	Anzahl	Anzahl
Referenzdefinition	428	234
davon mit Angaben zu klinischen Kriterien	409	209
davon mit erfülltem klinischen Bild auch bzgl. der jeweils anderen Falldefinition	409	182
davon bestätigt nur durch Angabe von Kriterien, die in Falldefinition 2015 hinzugekommen sind	–	27
davon mit Angabe zum Labornachweis	346	232
davon auch gemäß der jeweils anderen Falldefinition laborbestätigt	346	225
davon nur durch Nachweise laborbestätigt, die in Falldefinition 2015 entfallen sind	0	–
davon nur durch in Falldefinition 2015 hinzugekommene Nachweise laborbestätigt	–	7

in 5 Einrichtungen zur Kindertagesbetreuung. Aus dem von den Erkrankten gegessenen Milchreis konnte *L. monocytogenes* in sehr hoher Konzentration nachgewiesen werden. Durch diesen Nachweis im Lebensmittel erfüllen sie als klinisch

epidemiologisch bestätigte Fälle die Referenzdefinition. Von den Erkrankungen wurden 79 in der Übermittlungskategorie »Listeriose« übermittelt und sind damit Teil der Auswertung. Auf diesen Gastroenteritis-Ausbruch lassen sich die Häufung

im I. Quartal (s. Abb. 6.30.1), die Zunahme im Bundesland Nordrhein-Westfalen (s. Abb. 6.30.2) und die Häufung unter 2- bis 9-jährigen Kindern (s. Abb. 6.30.3) zurückführen.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden 662 Listeriosen übermittelt. Das entspricht einer Inzidenz von 0,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Seit 2011 gibt es kontinuierlich ansteigende Fallzahlen. Gegenüber dem Vorjahr (609 Erkrankungen) hat die Zahl der Listeriosen um 9% zugenommen und ist damit die höchste seit 2001. Die meisten Fälle wurden im I. Quartal übermittelt (199), in den nachfolgenden Quartalen waren es 156, 157 bzw. 148 Fälle (s. Abb. 6.30.1).

Geografische Verteilung

Die niedrigste Inzidenz wurde mit 0,4 Erkr./100.000 Einw. in Rheinland-Pfalz und die höchste Inzidenz mit 1,7 in Sachsen verzeichnet. In Nordrhein-Westfalen, Sachsen und Thüringen lagen die Inzidenzen über der bundesweiten Inzidenz (s. Abb. 6.30.2). Elf Bundesländer verzeichneten im Vergleich mit den Vorjahren einen Anstieg der Inzidenz. Besonders hoch war der Anstieg in Nord-

rhein-Westfalen und Sachsen mit einer mehr als verdoppelten Inzidenz.

Für 390 Erkrankungen (59%) wurde mindestens ein Infektionsland übermittelt; 98% der Nennungen entfielen auf Deutschland.

Demografische Verteilung

Im Rahmen des Ausbruchs in Paderborn wurden 79 Fälle von Listeriose-Gastroenteritis übermittelt. Darüber hinaus wurden 535 Fälle von nicht-schwangerschaftsassoziierter, invasiver Listeriose übermittelt. Wie schon in den vergangenen Jahren stieg deren Inzidenz mit dem Lebensalter deutlich an: von 0,4 Erkr./100.000 Einw. in der Altersgruppe der 50- bis 59-jährigen, über 2,1 Erkr./100.000 Einw. in der Altersgruppe der 70- bis 79-jährigen bis auf 3,6 Erkr./100.000 Einw. bei den über-79-jährigen (s. Abb. 6.30.3). Die nicht-schwangerschaftsassozierten invasiven Listeriosen betrafen 204 Frauen (38%) und 331 Männer (62%). Insbesondere in den Altersgruppen ab 50 Jahre war die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen.

Es wurden 22 Fälle von Schwangerschafts-Listeriose und 26 Neugeborenen-Listeriosen übermittelt. Darunter konnten 14 Mutter-Kind-Paare

Abb. 6.30.1: Übermittelte Listeriosen nach Meldequartal, Deutschland, 2010 bis 2015

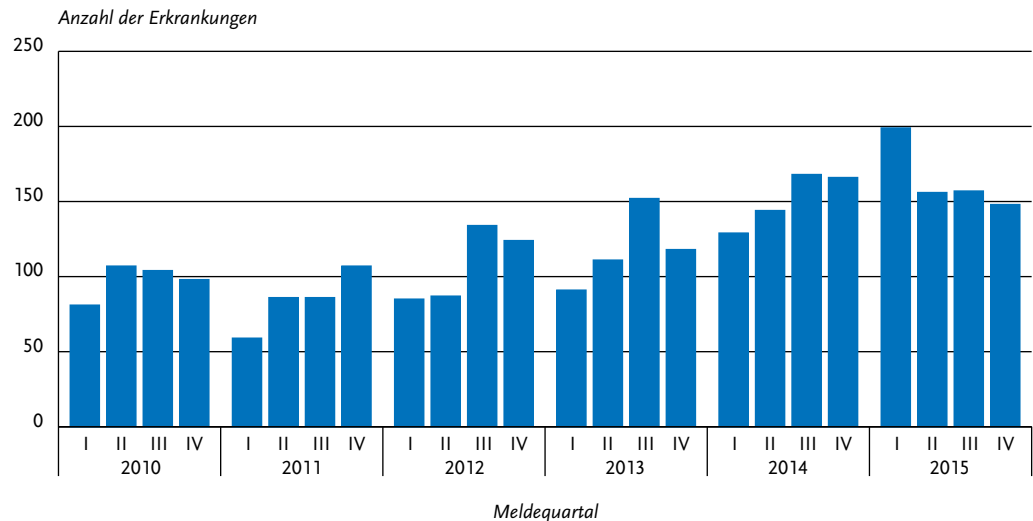
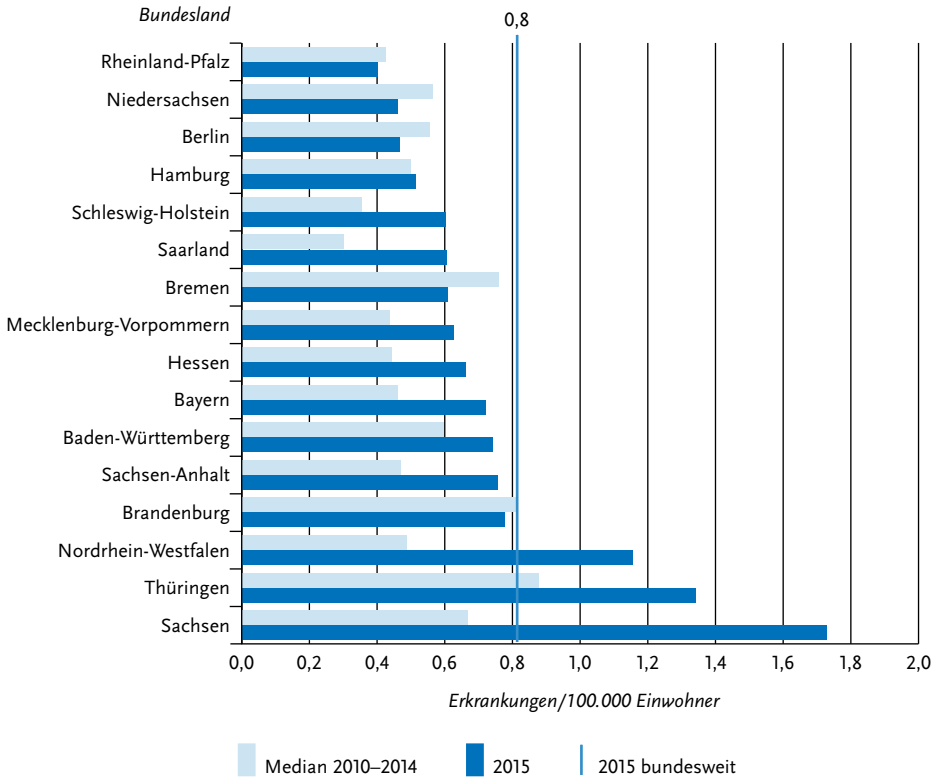


Abb. 6.30.2:
Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=661) im Vergleich mit den Vorjahren



identifiziert werden. Außerdem wurden 12 Neugeborenen-Listeriosen ohne Verbindung zur Mutter übermittelt. Schwangerschafts-Listeriosen machten 43% der insgesamt 47 Listeriosen bei Frauen im Alter zwischen 15 und 49 Jahren aus.

Nachgewiesene Erreger

Für 197 der 662 erfassten Fälle (30%) lag eine Angabe zum Serovar von *L. monocytogenes* vor; 103-mal wurde das Serovar 4b, 78-mal das Serovar 1/2a und 16-mal das Serovar 1/2b übermittelt.

Klinische Aspekte

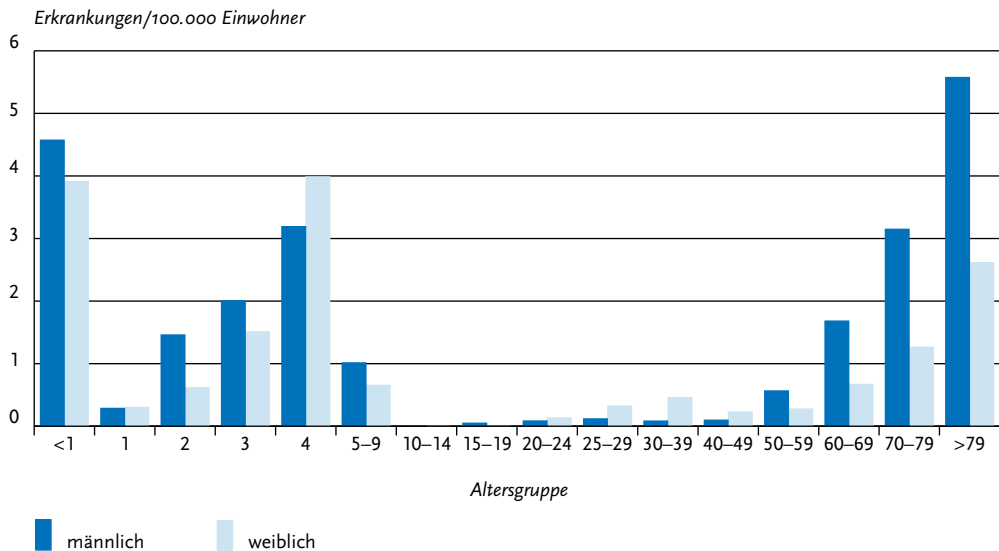
Bei 151 (28%) der 535 nicht-schwangerschaftsassoziierten invasiven Listeriosen wurde Fieber als einziges, die Falldefinition erfüllendes Symptom

übermittelt. Weitere 181 (34%) hatten eine Sepsis, 77 (14%) eine Meningitis oder Enzephalitis, 7 (1%) einen Abszess, 5 (1%) eine Endokarditis, 6 (1%) eine septische Arthritis und 31 (6%) eine andere Organinfektion (Mehrfachnennungen möglich).

Bei 14 der 22 Frauen mit Schwangerschafts-Listeriose (64%) lag eine symptomatische Listerien-Infektion vor. Unter den Fällen von Schwangerschafts-Listeriose waren 9 Fälle mit angegebener Frühgeburt (41%), 3 Fehlgeburten (14%) und 2 Totgeburten (9%).

Eine symptomatische Listerien-Infektion lag auch bei 22 der 24 (92%) lebend geborenen Neugeborenen vor: 12 (55%) zeigten ein septisches Krankheitsbild, 10 (45%) eine Atemstörung, bei 2 (9%) Neugeborenen war eine Haut-, Bindehaut-

Abb. 6.30.3:
Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=661)



oder Schleimhautläsion angegeben und bei einem Kind eine Granulomatosis infantiseptica (Mehrfachnennungen möglich).

Es wurden 46 Todesfälle übermittelt, bei denen die Listeriose als Todesursache angegeben war (2014: 37). Unter diesen waren 43 nicht-schwangerschaftsassozierte Listeriosen und 3 Neugeborenen-Listeriosen. Die Letalität lag 2015 bei 7%.

Ausbrüche

Es wurden Häufungen von Listeriose-Erkrankungen mit identischem Feintypisierungsmuster (Pulsfeld-Gelelektrophorese) der *L. monocytogenes*-Isolate beobachtet. Besonders auffällig war eine Häufung mit 68 Fällen zwischen 2012 und 2015, davon 30 Fälle im Jahr 2015. Diese verteilten sich auf Baden-Württemberg (15 Fälle), Bayern (9 Fälle), Hessen (5 Fälle) und Niedersachsen (1 Fall).

Reine Listeriose-Gastroenteritis-Ausbrüche werden selten dokumentiert. Ungewöhnlich am Ausbruch in Paderborn war die Größe des Geschehens und dass immunkompetente Kinder und Erwachsenen so stark betroffen waren, was durch eine hohe Infektionsdosis erklärt werden kann.

Fazit

Die Listeriose ist mit schwerwiegenden klinischen Manifestationen und einer hohen Letalität assoziiert. Steigende Fallzahlen führen daher auch zu einer signifikanten Erhöhung der durch Listerien ausgelösten Krankheitslast in der deutschen Bevölkerung. Die Inzidenz der für 2015 übermittelten Listeriosen war die höchste gemessene seit Einführung der Meldepflicht gemäß IfSG 2001. Dies lag aber vor allem an der Übermittlung von 79 Listeriose-Gastroenteritiden, die im Rahmen eines großen Ausbruchs übermittelt wurden, der sich auf den Verzehr von kontaminiertem Milchreis zurückführen ließ. Dagegen wird ein Infektionszusammenhang mit einem Lebensmittel bei den überwiegend sporadisch in Erscheinung tretenden Erkrankungen nur selten ermittelt.

Literaturhinweise

Ruppitsch W, Prager R, Halbedel S: Ongoing outbreak of invasive listeriosis, Germany, 2012 to 2015. Euro Surveill 2015. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21336

Preußel K, Milde-Busch A, Schmich P, et al.: *Risk factors for sporadic nonpregnancy associated listeriosis in Germany – immunocompromised patients and frequently consumed ready-to-eat products*. PLoS One 2015; 10:e0142986.

Schmid D, Allerberger F, Huhulescu S, et al.: *Whole genome sequencing as a tool to investigate a cluster of seven cases of listeriosis in Austria and Germany, 2011–2013*. Clin Microbiol Infect 2014; 20:431–436.

6.31 Malaria

Kurzbeschreibung

Malaria wird durch Plasmodien genannte parasitäre Einzeller verursacht. Die verschiedenen Plasmodienarten werden typischerweise durch Mücken übertragen. Malaria wird überwiegend in Ländern Afrikas, Asiens bzw. Südamerikas erworben. Charakteristisch für Malaria-Erkrankungen ist Fieber. Die gefährlichste Form, Malaria tropica, kann bei fehlender oder zu spät erfolgter Behandlung tödlich verlaufen.

Fallkriterien

Die an das RKI gemeldeten Fälle wurden in die Statistik aufgenommen, sofern der Labornachweis nicht ausschließlich serologisch (d. h. durch Anti-

körperbestimmung) erfolgte. Außerdem wurden nur diejenigen Fälle berücksichtigt, bei denen eindeutig ersichtlich war, dass die betroffenen Patienten ihren Wohnsitz in Deutschland hatten. Auf der Basis dieser Fallkriterien wurden für das Jahr 2015 insgesamt 1.068 Malaria-Fälle (1,3 Fälle pro 100.000 Einwohner) gemeldet.

Zeitlicher Verlauf

Der Anstieg der Fallzahlen gegenüber den Vorjahren, der im Jahr 2014 (1.011 Fälle) zu verzeichnen war, setzte sich weiter fort. Im Jahr 2015 wurde die bisher höchste Fallzahl seit Bestehen der Meldepflicht registriert (s. Abb. 6.31.1). Seit Einführung des IfSG hatte sich zunächst die Zahl der gemeldeten Fälle von Jahr zu Jahr verringert und war dann von 2006 bis 2009 annähernd gleich geblieben.

Die Anzahl der 2015 in den einzelnen Monaten diagnostizierten Malaria-Fälle reichte von 29 im Februar bis zu 163 im August.

Geografische Verteilung

Die Anzahl der Malaria-Fälle, die aus den verschiedenen Bundesländern gemeldet wurden, differierte sehr stark (s. Abb. 6.31.2). Für Hamburg wurde eine Inzidenz von 7,0 Fällen pro 100.000 Einwohner ermittelt, für Bremen von 2,6. Besonders niedrig waren die Inzidenzen in Sachsen (0,3; n=14),

Abb. 6.31.1: Gemeldete Malaria-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015

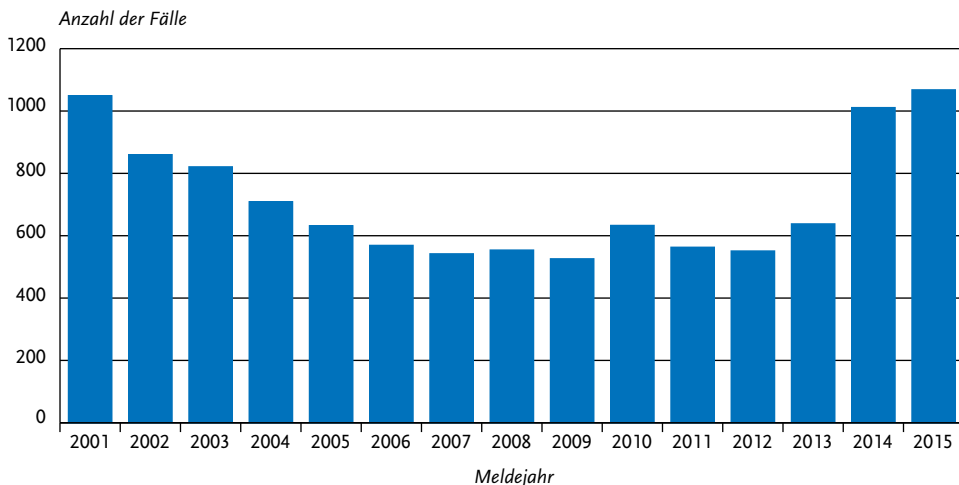
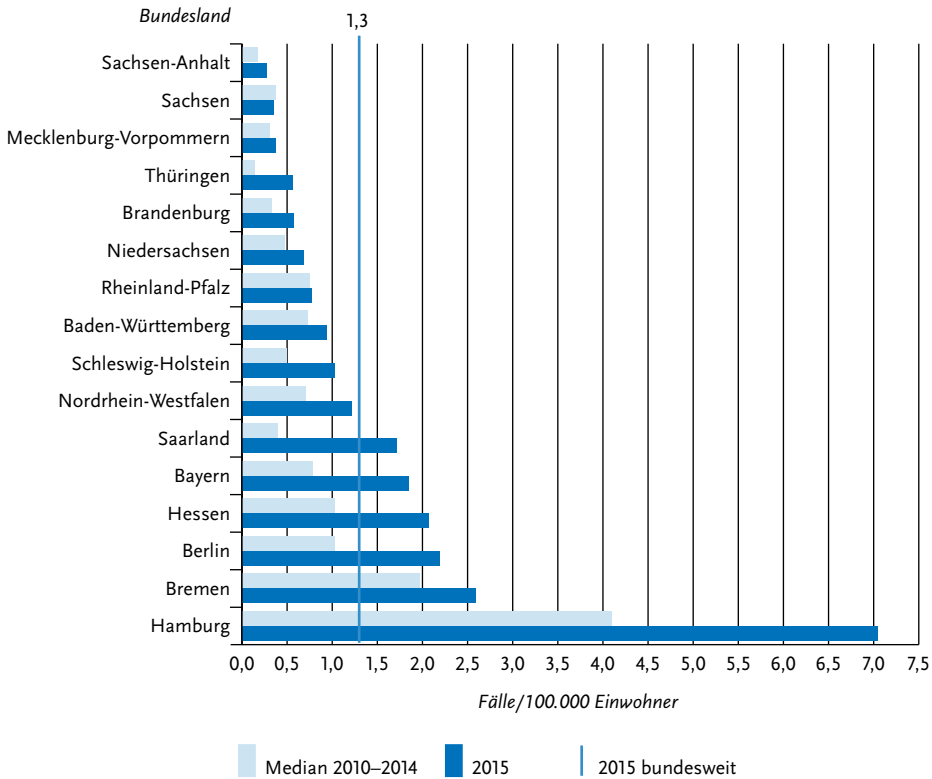


Abb. 6.31.2:
Gemeldete Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=1.067) im Vergleich mit den Vorjahren



Sachsen-Anhalt (0,3; n=6), und Mecklenburg-Vorpommern (0,4; n=6).

Das mögliche Infektionsland wurde für 615 (58%) Fälle angegeben. Der größte Teil der Nennungen (585; 92%) entfiel, wie schon in den Vorjahren, auf afrikanische Länder (s. Tab. 6.31.1 und 6.31.2). Wie bereits im Jahr 2014 und im Gegensatz zu den Jahren davor, hat sich Eritrea an Platz zwei der Liste der wahrscheinlichen Infektionsländer geschoben. Nigeria, Kamerun und Ghana stehen schon seit Jahren ganz oben auf der Liste. Der Anteil der Fälle aus Ländern Asiens war mit 6% (insgesamt 37 Fälle) doppelt so hoch wie 2014. Pakistan war wie im Vorjahr mit 13 Fällen das am häufigsten genannte Land außerhalb Afrikas.

Tab. 6.31.1:
Gemeldete Malaria-Fälle nach Infektionskontinent, Deutschland, 2015

Kontinent	Nennungen	Anteil
Afrika	585	92%
Asien	37	6%
Amerika	10	2%
Australien/Ozeanien	1	0%
Summe	633	100%

Tab. 6.31.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Malaria-Fälle, Deutschland, 2015 (n=633)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Nigeria	82	13 %
Eritrea	80	13 %
Ghana	78	12 %
Kamerun	69	11 %
Togo	39	6 %
Kenia	31	5 %
Tansania	20	3 %
Uganda	20	3 %
Kongo, Demokratische Republik	18	3 %
Pakistan	13	2 %
Andere	183	29 %
Summe	633	100 %

Demografische Verteilung

Jugendliche im Alter zwischen 15 und 19 Jahren wiesen mit 5,1 Fällen/100.000 Einw. die höchste Inzidenz auf, gefolgt von den 20- bis 24-Jährigen (3,4) (s. Abb. 6.31.3). Jungen bzw. Männern waren 3,5-mal stärker betroffen als Mädchen bzw. Frauen. In der Altersgruppe der 15- bis 19-Jährigen lag die Inzidenz bei den Männern mehr als 5-mal höher. Die Unterschiede zwischen den Inzidenzen bei Männern und Frauen, die auch in den Vorjahren ausgeprägt waren, sind vermutlich auf ein unterschiedliches Reise- und Präventionsverhalten bzw. auf unterschiedliche Personengruppen unter den nach Deutschland neu Einreisenden zurückzuführen.

Nachgewiesene Erreger

Unter den 1.030 Fällen mit Angaben zur Erregerspezies (96 % aller Fälle) wurde *Plasmodium falciparum* mit 58 % am häufigsten diagnostiziert (2014: 55 %; 2001–2013: 78 %). Mit 30 % (2014: 31 %; 2001–2013: im Mittel 11 %) lag *P. vivax* wie im Vorjahr an zweiter Stelle, gefolgt von *P. malariae* (3 %). Malaria tertiana (*P. vivax* oder *P. ovale*, ohne weitere Differenzierung des Erregers) machte 4 % aus. *P. ovale* hatte einen Anteil von 2 %, Mischinfektionen von 3 %. Ein Fall wurde mit Nachweis

Abb. 6.31.3:
Gemeldete Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=1.055)

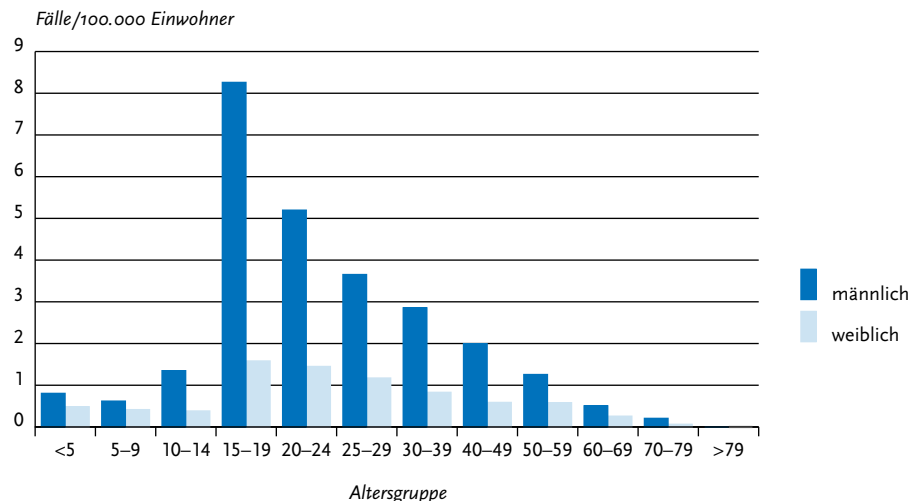
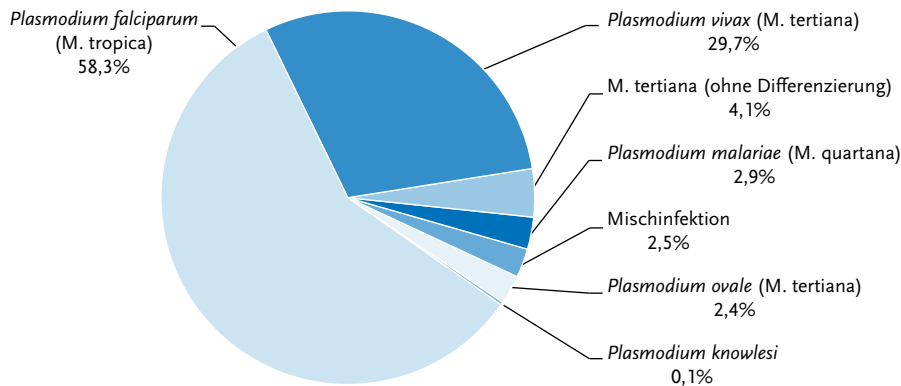


Abb. 6.31.4:
Gemeldete Malaria-Fälle nach Erregerspezies, Deutschland, 2015 (n=1.030)



von *P. knowlesi* gemeldet (s. Abb. 6.31.4). Seit einschließlich 2014 veränderte sich die Verteilung der Erregerspezies deutlich zugunsten von *P. vivax* bzw. von Malaria tertiana.

Klinische Aspekte

Unter den im Jahr 2015 gemeldeten 1.068 Malaria-Fällen wurden 2 Todesfälle berichtet. Beide waren Männer im Alter von 24 bzw. 70 Jahren. Beide sind an einer Infektion mit *Plasmodium falciparum* verstorben. Die Infektionsländer waren Togo bzw. Ghana.

Datenqualität

Zusätzlich zu den 1.068 ausgewiesenen Fällen wurden dem RKI weitere 49 Malaria-Fälle gemeldet, die aus den eingangs beschriebenen Gründen nicht in die Statistik aufgenommen werden konnten. Nicht für alle 1.068 in der Auswertung berücksichtigten Fälle lagen vollständige Angaben vor. Für insgesamt 839 (79 %) Fälle lagen die Meldebögen sowohl vom Labor als auch vom Arzt vor, für 224 Fälle nur der Laborbogen, für 5 Fälle nur der Arztbogen.

Fazit

Die schon 2014 erhöhte Anzahl der nach Deutschland importierten Malaria-Infektionen im Vergleich zu den Vorjahren hat 2015 weiter leicht zugenommen. Der höhere Anteil von Malaria tertiana

im Vergleich mit den Jahren vor 2014 sowie vergleichsweise viele Fälle mit Infektionsland Eritrea sprechen dafür, dass die höhere Zahl von Fällen zu einem großen Teil durch aus dem nordafrikanischen Raum nach Deutschland einreisende Personen bedingt ist. Auch die im Vergleich zu den Jahren vor 2014 in jüngere Altersgruppen verschobene Altersverteilung der Erkrankten mag dafür sprechen. Ein häufiges Auftreten von Malaria-tertiana-Fällen unter eritreischen Migranten wird auch aus anderen EU-Ländern berichtet.

Literaturhinweise

- Sondén K, Castro E, Trönnberg L, et al.: *High incidence of Plasmodium vivax malaria in newly arrived Eritrean refugees in Sweden since May 2014*. Euro Surveill. 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20890
- Bart A, van Hellemond JJ, van Genderen PJ, van Gool T: *Plasmodium knowlesi infection imported to Germany, January 2013*. Euro Surveill 2013. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20619
- Orth H, Jensen BO, Holtfreter MC, et al.: *Plasmodium knowlesi infection imported to Germany, January 2013*. Euro Surveill 2013. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20603
- RKI: *Reiseassoziierte Infektionskrankheiten 2013*. Epid Bull 2014; 42:407–415.
- RKI: *Plasmodium knowlesi: Fallberichte der ersten nach Deutschland importierten Infektionen*. Epid Bull 2014; 14:112–116.

6.32 Masern

Kurzbeschreibung

Masern sind eine nur beim Menschen epidemiologisch relevant vorkommende hochansteckende Viruserkrankung, die aerogen übertragen wird und durch Fieber, Entzündung der oberen Atemwege und einen typischen Ausschlag gekennzeichnet ist. Gefürchtet sind Komplikationen wie Mittelohr-, Lungen- oder Gehirnentzündung. Impfungen bieten einen effektiven Schutz. Die Elimination der Masern ist ein erklärtes Ziel der deutschen Gesundheitspolitik. Diese liegt vor, wenn in Deutschland eine endemische Übertragung der Masern über mindestens 12 Monate nicht mehr zu beobachten ist. Dafür muss bei mindestens 95% der Bevölkerung eine ausreichende Immunität vorliegen.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.32.1). Die Falldefinition für die Masern wurde im Jahr 2015 geändert und orientiert sich an der Falldefinition der WHO. Kopliksche Flecken gehören nun nicht mehr zu der definierenden klinischen Symptomatik. Ferner besteht kein zeitliches Minimum von mindestens 3 Tagen für die Dauer des Auftretens des typischen Masernexanthems mehr. Auch für den Labornachweis haben sich im Detail Änderungen ergeben. Nur 145 der 2.464 (5,9%) Masern-Erkrankungen wurden im Jahr 2015 nach der neuen Falldefinition übermit-

telt (s. Tab. 6.32.2). Dies lag daran, dass die Masern-Fälle überwiegend im ersten Halbjahr auftraten, zu einer Zeit, als in vielen Gesundheitsämtern die neue Falldefinition noch nicht in der Software implementiert war. Nach der alten Falldefinition wurden 276 Fälle übermittelt, die allein durch ein Exanthem, Fieber und Kopliksche Flecken definiert waren. Diese hätten nach der neuen Falldefinition die klinischen Kriterien nicht mehr erfüllt und wären dann der Falldefinitions-Kategorie D zugeordnet worden.

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2015 wurden 2.464 Masern-Fälle übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten. Im Jahr 2014 waren es 442. Die Anzahl der übermittelten Masern-Erkrankungen schwankt von Jahr zu Jahr zum Teil erheblich. Während sie im Vorjahr eine der niedrigsten seit Beginn der Meldepflicht im Jahr 2001 war, ist die Anzahl der im Jahr 2015 übermittelten Masern-Erkrankungen eine der höchsten. Lediglich in den Jahren 2001 und 2002 wurden mehr Masern-Erkrankungen übermittelt (6.039 bzw. 4.656). Für das Jahr 2015 zeigte sich der saisonale Erkrankungsgipfel deutlich eher als in den Vorjahren. Die Fallzahlen, die bereits im Dezember 2014 anstiegen, erreichten im März und April des Jahres 2015 ihren Höhepunkt, der in den Vorjahren sonst immer erst im Frühsommer verzeichnet worden war. Allein in der 12. Meldewoche 2015 wurden 153 Masern-Fälle übermittelt. Ab Mai 2015 gingen die Fallzahlen deutlich zurück (s. Abb. 6.32.1).

Tab. 6.32.1:

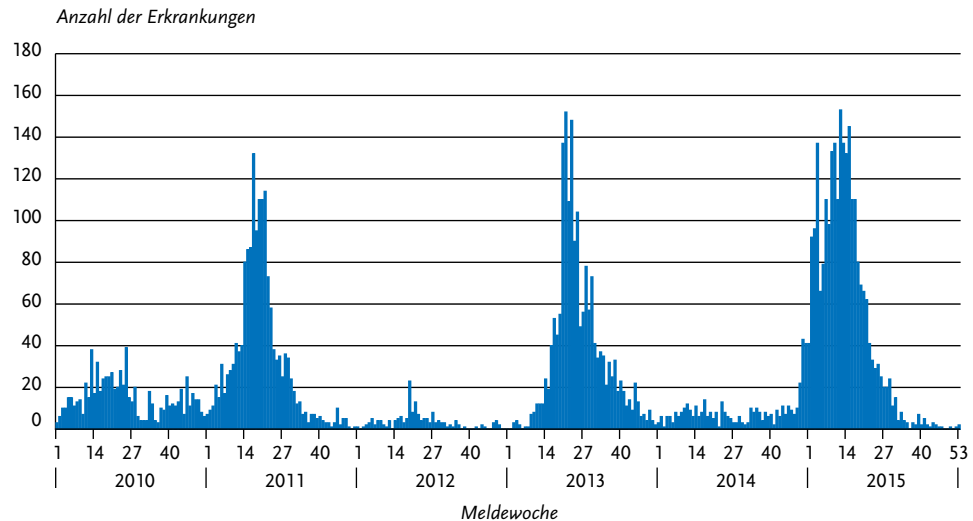
Übermittelte Masern-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	42	8 %	239	9 %
klinisch-epidemiologisch (B)	56	11 %	639	25 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	344	67 %	1.586	61 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	50	10 %	109	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	18	4 %	32	1 %
alle	510	100 %	2.605	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	442	87 %	2.464	95 %

Tab. 6.32.2:
Übermittelte Masern-Erkrankungen (Referenzdefinition, n=2.464); Auswirkung der Falldefinitionsänderung, Deutschland, 2015

	Falldefinition vor 2015	Falldefinition 2015
	Anzahl	Anzahl
Referenzdefinition (A+B+C)	2.319	145
davon mit Angaben zu klinischen Kriterien	2.041	145
davon mit erfülltem klinischen Bild auch bzgl. der jeweils anderen Falldefinition	1.765	145
davon bestätigt nur durch Angabe von Kriterien, die in Falldefinition 2015 entfallen sind	276	–
davon mit Angabe zum Labornachweis	1.455	94
davon auch gemäß der jeweils anderen Falldefinition laborbestätigt	1.454	92
davon nur durch Nachweise laborbestätigt, die in Falldefinition 2015 entfallen sind	1	–
davon nur durch in Falldefinition 2015 hinzugekommene Nachweise laborbestätigt	–	2

Abb. 6.32.1:
Übermittelte Masern-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2010 bis 2015



Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 3,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit deutlich höher als im Jahr 2014 (0,5) und als der Median der 5 Vorjahre (1,0). Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz, Bremen und

das Saarland blieben unter der Inzidenz von 1 Erkr./100.000 Einw. Eine Inzidenz von <0,1 Erkr./100.000 Einw., die von der WHO als ein Indikator für das Erreichen der Masernelimination angesehen wird, wurde 2015 in 2 Bundesländern erreicht (Bremen und dem Saarland). Beide Bundeslän-

der übermittelten keine Masern-Erkrankungen (s. Abb. 6.32.2).

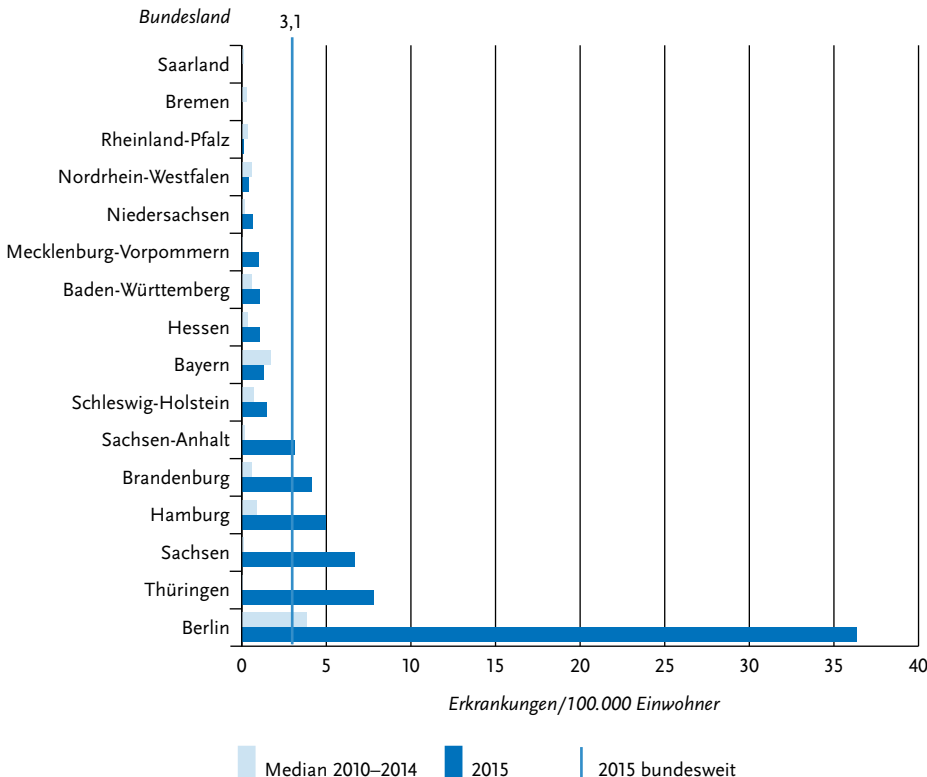
Rund 50 % der 2.464 Masern-Erkrankungen wurden aus Berlin übermittelt (n=1.243), rund 11 % aus Sachsen (n=271), gefolgt von Thüringen mit fast 7 % (n=169). In Bayern traten 164 Erkrankungen auf, in Baden-Württemberg 111 und in Brandenburg, insbesondere in den Landkreisen rund um Berlin, 101.

Die höchsten Inzidenzen wurden für Berlin (36), Thüringen (7,8) und Sachsen (6,7) berechnet. In diesen Bundesländern wie auch in Hamburg (5,0), Brandenburg (4,1) und Sachsen-Anhalt (3,2) lagen die Inzidenzen über dem bundesweiten Durchschnitt (s. Abb. 6.32.2). Berlin lag mit der Inzidenz für 2015 erheblich über dem Median der Inzidenz der 5 Vorjahre (3,1 vs. 3,9). Das traf eben-

falls auf die östlichen Bundesländer Sachsen (6,7 vs. 0,1), Sachsen-Anhalt (3,2 vs. 0,2), Brandenburg (4,1 vs. 0,6), Mecklenburg-Vorpommern (1,0 vs. 0,1) und Thüringen (7,8 vs. 0) zu.

Angaben zum Infektionsland lagen für 2.139 Erkrankungen vor (Mehrfachangaben möglich, insgesamt 2.142 Nennungen). Die Infektion wurde nach diesen Angaben überwiegend (97%; 2.080 von 2.142 Nennungen) in Deutschland erworben. Im Jahr 2014 war Deutschland bei 88 % der Fälle als Infektionsland angegeben. Als weitere Infektionsorte wurden bei 40 Masern-Erkrankungen Länder der europäischen WHO-Region (darunter je 11-mal Bosnien-Herzegowina und Frankreich) und bei 19 Masern-Erkrankungen Länder außerhalb der europäischen WHO-Region angegeben.

Abb. 6.32.2: Übermittelte Masern-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=2.464) im Vergleich zu den Vorjahren



Demografische Verteilung

Wie schon in den Vorjahren wurde die höchste altersspezifische Inzidenz bei Kindern in den ersten beiden Lebensjahren beobachtet. Sie lag bei Kindern im ersten Lebensjahr bei 29 Erkr./100.000 Einw. und bei den einjährigen Kindern bei 28. Die Inzidenz der 2-, 3- und 4-Jährigen lag bei 11 bzw. 10 und 9,7. Für die 5- bis 9-Jährigen wurde eine Inzidenz von 8,2 errechnet. Die 10- bis 14-Jährigen bzw. 15- bis 19-Jährigen wiesen Inzidenzen von 8,6 bzw. 8,4 auf. Ab dem 21. Lebensjahr nahmen die Inzidenzen ab und reichten von 5,0 bei den 20- bis 24-Jährigen, über 3,1 bei den 30- bis 39-Jährigen und 1,1 bei den 40- bis 49-Jährigen bis 0,4 bei den 50- bis 59-Jährigen (s. Abb. 6.32.3).

Insgesamt 36 % der Fälle betrafen die Altersgruppe der 0- bis 9-Jährigen (2014: 37 %). Innerhalb dieser Gruppe lag der Anteil der 0- bis 1-Jährigen bei rund 44 % (2014: 39 %). Etwa zwei Drittel der Erkrankungen (64 %; 2014: 63 %) traten bei Patienten im Alter von 10 Jahren oder älter auf. Von allen Masern-Erkrankungen entfielen 27 % (2014: 24 %) auf die Altersgruppe der 10- bis 19-Jährigen und 29 % (2014: 32 %) auf die Altersgruppe der 20- bis 39-Jährigen. Rund 6 % waren zwischen 40 und 49 Jahre alt (2014: 5 %) und 2 %

der an Masern Erkrankten über 50 Jahre alt (2014: 3 %). Seit 2010 wird von der STIKO für nach 1970 geborene junge Erwachsene mit unvollständigem oder unklarem Impfschutz generell eine einmalige Masernimpfung empfohlen.

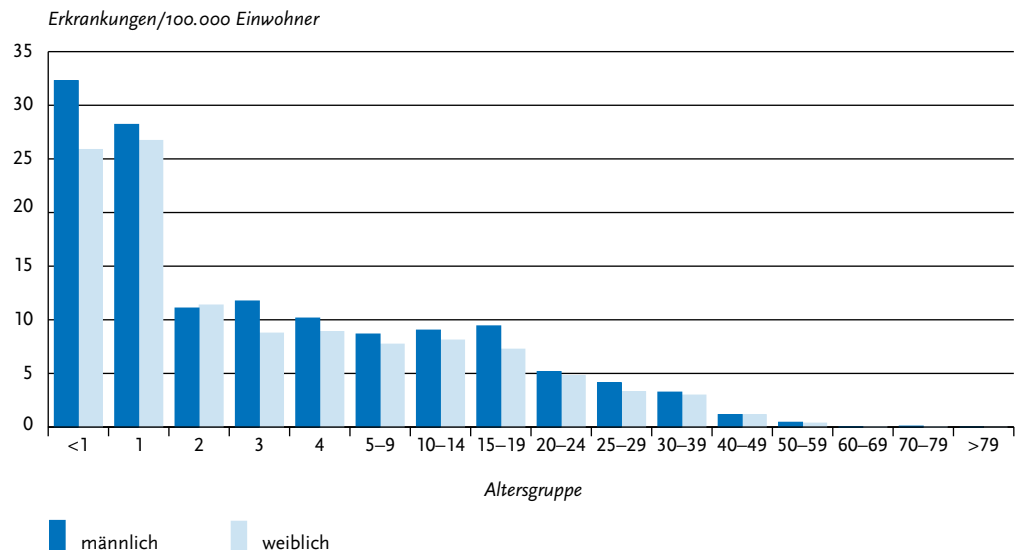
Im Jahr 2015 war die Maserninzidenz bei Mädchen bzw. Frauen etwas niedriger als bei Jungen bzw. Männern (2,7 und 3,4).

Klinische Aspekte

Der Anteil der übermittelten Erkrankungen mit Klinikaufenthalt (n=576) lag bei 23 % und war damit niedriger als im Jahr 2014 (43 %). Die relative Häufigkeit einer Hospitalisierung variierte nach Alter. So wurden im Berichtsjahr 26 % (2014: 37 %) der in den ersten beiden Lebensjahren erkrankten Kinder (99 von 388) sowie 14 % (2014: 38 %) der Masern-Patienten im Alter von 2 bis 19 Jahren (159 von 1154) hospitalisiert. Von Erkrankten, die 20 Jahre oder älter waren, betrug dieser Anteil rund 35 % (318 von 920; 2014: 52 %).

Der Anteil der Masernerkrankungen mit Komplikationen hat sich im Vergleich zum Vorjahr nicht wesentlich verändert. Für 1.922 der 2.464 Erkrankten lagen Angaben zu Komplikationen vor (Mehrfachnennung möglich). Von diesen wurden

Abb. 6.32.3: Übermittelte Masern-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=2.457)



für 1.862 Patienten (97 %, 2014: 93 %) keine Komplikationen angegeben. Bei 25 von 1.922 Fällen mit vorliegenden Informationen (1,3 %, 2014: 4,1 %) wurde als Komplikation eine Lungenentzündung und bei 9 Patienten (0,5 %, 2014: 1,9 %) eine Mittelohrentzündung im Rahmen der Masern-Erkrankung dokumentiert. Zudem wurden 3 Fälle mit einer Masernenzephalitis und ein Fall mit einer Meningitis übermittelt; 22 Patienten wiesen nicht näher beschriebene Komplikationen auf. Ein masernassoziierter Todesfall wurde im Februar 2015 aus Berlin übermittelt.

Die Subakute Sklerosierende Panenzephalitis (SSPE) ist nicht meldepflichtig. Aus diesem Grund liegen dem RKI für dieses Krankheitsbild keine Daten vor.

Impfstatus

Ein zuverlässiger Impfschutz wird mit 2 Dosen eines masernhaltigen Impfstoffes (vorzugsweise Kombinationsimpfstoff gegen Masern, Mumps und Röteln) erreicht. Nach der 2. Dosis entwickeln in der Regel auch die Personen eine Immunität, bei denen aus unterschiedlichen Gründen nach einer ersten Impfdosis – empfohlen im Alter von 11 Monaten, im Rahmen besonderer Umstände auch bereits im Alter von 9 Monaten – kein Immunschutz aufgebaut wurde. Um einen möglichst frühen und zuverlässigen Impfschutz zu erreichen, empfiehlt die STIKO daher die 2. Masern(-Mumps-Röteln)-Impfung mit einem Mindestabstand von 4 Wochen zur Erstimpfung im Alter von 15 bis 23 Monaten. Alle Kinder sollten vor ihrem 2. Geburtstag somit 2-mal geimpft worden sein. Die STIKO hat im Jahr 2010 zudem Empfehlungen zur Masernimpfung bei Erwachsenen, die nach 1970 geboren wurden, ausgesprochen. Als Grundsatz gilt, dass nur dokumentierte Impfungen (z. B. Eintrag im Impfpass) bewertbar sind. Eine Immunität aufgrund von anamnestischen Angaben anzunehmen, ist sehr unsicher.

Von den 2.464 an Masern Erkrankten wurden 333 als geimpft und 1.970 als ungeimpft übermittelt; bei 161 Erkrankten war der Impfstatus unbekannt (s. Abb.6.32.4). Bei 198 geimpften Fällen lagen valide Angaben zur Anzahl der Impfungen und zum Datum der letzten Impfung vor.

Bei 93 von 153 einmalig Geimpften stand diese erste Impfung in einem zeitlichen Zusammenhang zur Erkrankung (innerhalb von 21 Tagen vor

Erkrankungsbeginn), was für Kontrollmaßnahmen zur Verhinderung von weiteren Fällen spricht (postexpositionelle Impfung). Bei 60 Patienten mit einmaliger Impfung, die mehr als 21 Tage, überwiegend jedoch schon mehrere Jahre, zurücklag, kann ein unzureichender Impfschutz angenommen werden. Hier handelte es sich um Kinder und Erwachsene, die nach STIKO-Empfehlungen eine zweite Impfung hätten erhalten sollen.

Bei keinem der 45 mindestens 2-mal geimpften Fälle wurde die 2. Impfung kurz vor Erkrankungsbeginn verabreicht, so dass bei ihnen nach vollständiger und zeitgerechter Impfung wahrscheinliche Impfdurchbrüche angenommen werden. Zwei dieser Erkrankten wurden in den 1960er und 1970er Jahren 3-malig geimpft. Da bei diesen Personen keine Angabe zum Impfstoff vorliegt, kann vermutet werden, dass sie mit einem in jener Zeit verfügbaren Totimpfstoff geimpft wurden, der keine lebenslange Immunität vermittelte und aus diesem Grund durch die Lebendimpfstoffe ersetzt wurde.

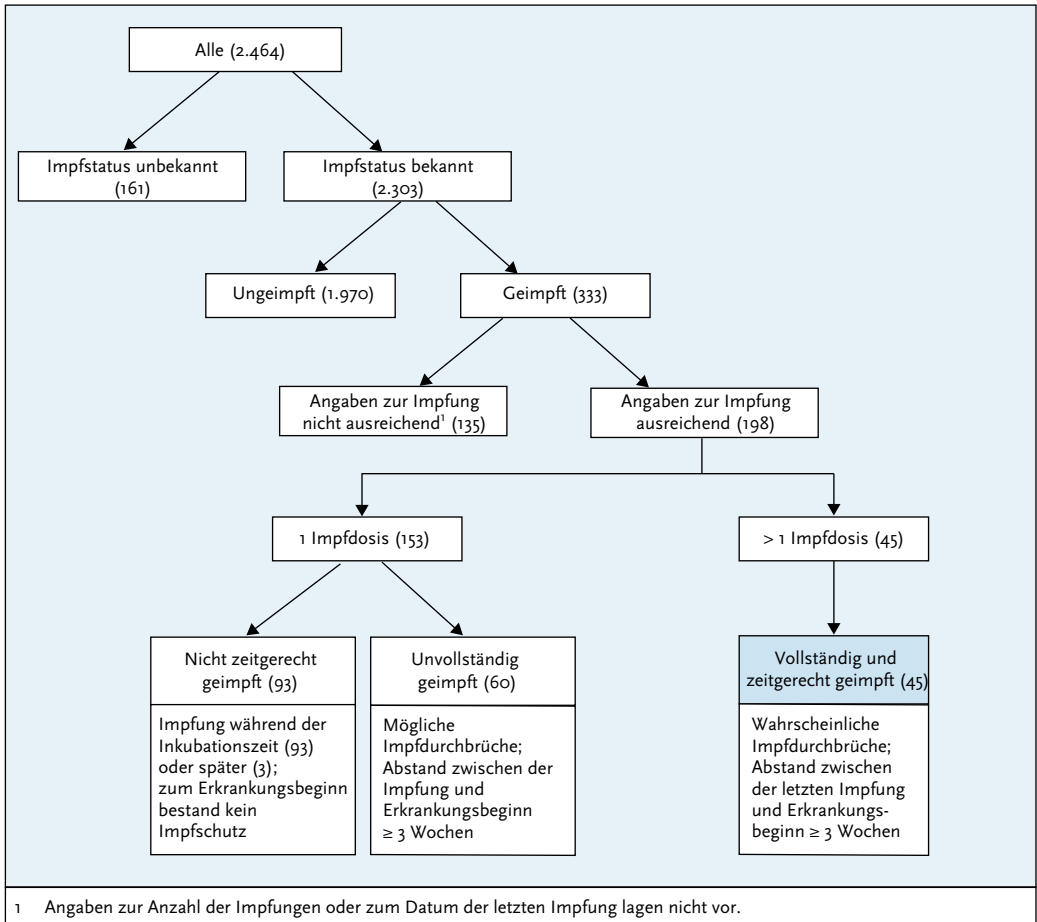
Um Masern-Erkrankungen trotz Impfung und damit Impfdurchbrüche sicher feststellen zu können, sollte unbedingt bei allen geimpften Patienten die Erkrankung labordiagnostisch gesichert werden, auch wenn sie klinisch Symptome aufweisen, die der Falldefinition entsprechen. Bei nur klinisch bestätigten, geimpften Fällen ohne Labornachweis ist die Masern diagnose unsicher.

Ausbrüche

Die Epidemiologie der Masern in Deutschland ist geprägt von regionalen und überregionalen Ausbrüchen mit zum Teil über Monate andauernden bundeslandübergreifenden Transmissionsketten, wie sie auch im Jahr 2015 beobachtet wurden. Alle Ausbrüche werden im Jahr ihres Meldebeginns, dem Jahr, in dem der erste zugehörigen Fall erfasst wurde, gezählt, auch wenn sie im Folgejahr noch andauern. Dies trifft für einige Ausbrüche z. B. aus Berlin oder Brandenburg zu, die bereits im Jahr 2014 begannen und bis ins Jahr 2015 reichten. Diese wurden somit dem Jahr 2014 zugeordnet.

Während im Jahr 2014 insgesamt 39 Ausbrüche (27 mit jeweils weniger als 5 Fällen und 12 mit jeweils mindestens 5 Fällen) mit insgesamt 829 Fällen übermittelt wurden, waren es im Jahr 2015 insgesamt 224 Ausbrüche mit insgesamt 971 Fällen. Dabei wiesen 191 Ausbrüche jeweils weniger

Abb. 6.32.4: Übermittelte Masern-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2015 (n=2.464)



als 5 Fälle und 33 Ausbrüche jeweils mindestens 5 Fälle auf.

Insgesamt wurden Ausbrüche für das Jahr 2015 aus 12 Bundesländern (außer Brandenburg, Bremen, Rheinland-Pfalz und dem Saarland) übermittelt. Von den 224 übermittelten Ausbrüchen kamen 91 aus Berlin. Die Masernfälle und Ausbrüche, die im Rahmen des großen Berliner Ausbruchsgeschehens von Oktober 2014 bis August 2015 gemeldet wurden, wurden nicht zu einem einzigen Ausbruch zusammengeschlossen und übermittelt. Ein überregional zusammenge-

fasster Ausbruch mit insgesamt 11 Fällen aus 4 Bundesländern (Sachsen, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen und Thüringen) hatte seinen Ursprung in Berlin. Zudem gingen Daten von 30 Ausbrüchen aus Bayern, 23 aus Baden-Württemberg und 20 aus Sachsen am RKI ein.

33 Ausbrüchen können mindestens 5 Erkrankungen zugeordnet werden. Darunter wiesen 10 Ausbrüche jeweils mehr als 10 Fälle auf. Neben einem Ausbruch in mehreren Landkreisen in Sachsen mit 124 Fällen und einem weiteren mit 54 Fällen ausgehend von Leipzig, ereigneten sich wei-

tere große Ausbrüche in Thüringen (99 Fälle) sowie in Hessen (23 Fälle). Weitere Ausbrüche mit mindestens 5 Erkrankungen in Niedersachsen, Baden-Württemberg, Thüringen, Sachsen-Anhalt und Berlin umfassten 11 bis 18 Fälle.

In der überwiegenden Anzahl der Masern-Erkrankungen mit einem angegebenen Genotyp wurde der Genotyp D8 genannt (123 von 132 Fällen; 93%).

Datenqualität

Eine labordiagnostische Untersuchung von Verdachtsfällen ist sehr wichtig, da bei einer zu erreichenden niedrigen Inzidenz von unter 0,1 Fällen/100.000 Einw. der positive, also richtige Vorhersagewert einer lediglich klinischen Masern-Diagnose niedrig ist. Eine Laboruntersuchung sollte besonders bei sporadischen Fällen und bei anamnestisch gegen Masern Geimpften erfolgen.

Der Anteil an laborbestätigten Fällen ist in Deutschland mit 61% (2014: 67%) im Vergleich zum letzten Jahr gesunken, allerdings wurden deutlich mehr klinisch-epidemiologisch bestätigte Fälle übermittelt (25%; 2014: 11%). Das spricht dafür, dass vermehrt Transmissionsketten nachverfolgt wurden. Der Anteil der rein klinischen Verdachtsfälle ist im Vergleich zum Vorjahr etwa gleich geblieben (9%; 2014: 8%).

Bei 132 der 2.464 übermittelten Fälle (5,3%, 2014: 8,4%) war ein Genotyp angegeben, bei 2.002 Fällen war dieser nicht erhoben worden oder konnte nicht ermittelt werden. Bei 330 Fällen erfolgte die Angabe »andere/sonstige«, hier wäre eine genauere Angabe im Kommentarfeld hilfreich, auch mit einem Hinweis, welche Angaben ggf. in der vorgegebenen Liste fehlen. Ergebnisse einer Genotypisierung können elektronisch übermittelt werden. Falls dies nicht möglich ist, können sie im Kommentarfeld eingegeben werden. Ergebnisse zur Genotypisierung sind sehr wichtig, um Transmissionsketten charakterisieren und eine endemische Transmission von Masernviren in Deutschland einschätzen zu können. Diese Einschätzung ist unmittelbare Voraussetzung für die Verifizierung des Standes der Elimination der Masern in Deutschland. Die vom Nationalen Referenzzentrum für Mumps, Masern, Röteln an die Gesundheitsämter gemeldeten Befunde zu vorliegenden Genotypen sollten nachgetragen werden, um die

epidemiologische Auswertung am RKI zur Verbreitung von Genotypen zu ermöglichen. Eine Verlinkung der Meldedaten mit den Daten des NRZ ist datenschutzrechtlich bisher nicht möglich.

Angesichts des hohen Anteils der Hospitalisierungen im Vergleich zu den angegebenen Komplikationen ist eine Untererfassung der Komplikationen anzunehmen. So wurden 576 Masern-Erkrankungen im Krankenhaus behandelt, Komplikationen jedoch nur bei 60 Masern-Erkrankungen angegeben. Angaben zu möglichen Komplikationen fehlten bei 22% aller Fälle (542 von 2.464).

Vollständige Angaben zu bereits durchgeführten Impfungen sind entscheidend, um korrekte Einschätzungen zu eventuell vorliegenden Impfdurchbrüchen und zur Wirksamkeit der Impfungen vornehmen zu können.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Masern-Erkrankungen war im Jahr 2015 deutlich höher als 2014. Es wurde eine Masern-Inzidenz von 3,1 Erkr./100.000 Einw. errechnet, die von der WHO vorgegebene Indikatorinzidenz von <0,1 für die Masern-Elimination wurde nicht erreicht (2014: 0,5). Wie in den Vorjahren weisen einjährige Kinder und Kinder im ersten Lebensjahr die höchsten Inzidenzen auf. Ihr Anteil an allen Erkrankten ist im Vergleich zu 2014 gestiegen. Der Anteil der Erkrankten im Alter von 10 Jahren oder älter lag im Jahr 2015 bei rund 64%.

Die weiterhin unzureichenden Impfquoten in der Bevölkerung, besonders bei Jugendlichen und jungen Erwachsenen, und die daraus folgende ungenügende Herdenimmunität haben im Jahr 2015 zu Ausbrüchen, mehreren Enzephalitiden und zu einem Todesfall geführt. Die Inzidenz bei Kindern im Alter unter 12 Monaten zeigt, dass die Herdenimmunität weiterhin nicht ausreicht, um eine Ausbreitung der Masern in dieser Altersgruppe zu verhindern und diejenigen wirksam zu schützen, die selbst (noch) nicht geimpft werden können, jedoch besonders häufig an Komplikationen der Masern erkranken. Besonders auch für diese Altersgruppen ist die Impfung der Jugendlichen und Erwachsenen von Bedeutung.

Die Notwendigkeit der schnellstmöglichen Nachholimpfung bei Kindern und Jugendlichen und der Impfung junger Erwachsener entsprechend den Impfempfehlungen der STIKO ist wei-

terhin dringend geboten. Diese wurden in den STIKO-Empfehlungen im Jahr 2015 noch einmal übersichtlicher dargestellt.

Literaturhinweise

- Schaks N, Krahnert S: *Die Einführung einer Impfpflicht zur Bekämpfung der Masern. Eine zulässige staatliche Handlungsoption*. *Medizinrecht* 2015; 33:860–866.
- Betsch C, Böhm R: *Detrimental effects of introducing partial compulsory vaccination: experimental evidence*. *Eur J Public Health* 2015; DOI: 10.1093/eurpub/ckv154
- Petersen S, Rabenau HF, Mankertz A, et al.: *Immunität gegen Masern beim medizinischen Personal des Universitätsklinikums Frankfurt, 2003–2013*. *Bundesgesundheitsbl-Gesundheitsforsch-Gesundheitsschutz* 2015; 58:182–189.
- Takla A, Wichmann O, Rieck T, Matysiak-Klose D: *Measles incidence in Germany, 2007–2011. Review of surveillance and insurance data towards measles elimination in Germany*. *Bull World Health Org* 2014; 92:742–749.
- Santibanez S, Proscenc K, Lohr D, et al.: *Measles virus spread initiated at international mass gatherings in Europe, 2011*. *Euro Surveill* 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20891
- Poethko-Müller C, Mankertz A: *Durchimpfung und Prävalenz von IgG-Antikörpern gegen Masern bei Kindern und Jugendlichen in Deutschland*. *Bundesgesundheitsbl-Gesundheitsforsch-Gesundheitsschutz* 2013; 56:1243–1252.
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland, 2014*. *Epid Bull* 2016; 16:129–134.
- RKI: *Kontaktmanagement bei einem Masernausbruch in einer Unterkunft für Asylsuchenden in Frankfurt am Main*. *Epid Bull* 2015; 47/48:506–509.
- RKI: *Berliner Masernausbruch 2014/2015*. *Epid Bull* 2015; 47/48:499–506.
- RKI: *Neuerungen in den aktuellen Impfempfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am RKI vom August 2015*. *Epid Bull* 2015; 35:363–373.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut/Stand: August 2015*. *Epid Bull* 2015; 34:327–362.
- RKI: *Pilotprojekt zur Schließung von Impflücken bei Schülern der 6. Klassenstufe und Lehrern im Landkreis Görlitz (Sachsen)*. *Epid Bull* 2015; 24:211–16.
- RKI: *Spezialangebot und Beratung, Nationales Referenzzentrum Masern, Mumps, Röteln*. *Epid Bull* 2015; 24:217.
- RKI: *Überblick über die Epidemiologie der Masern in 2014 und aktuelle Situation in 2015 in Deutschland*. *Epid Bull* 2015; 10:69–74.
- RKI: *Bericht über die Nationale Konferenz zum Stand der Elimination der Masern und Röteln in Deutschland am 11. Dezember 2014 in Berlin*. *Epid Bull* 2015; 10:75–78.
- RKI: *Konstituierung der Nationalen Verifizierungskommission Masern/Röteln beim Robert Koch-Institut*. *Epid Bull* 2013; 7:55–57.

6.33 Meningokokken, invasive Erkrankung

Kurzbeschreibung

Meningokokken sind Bakterien der Art *Neisseria meningitidis*. Sie werden durch Tröpfchen übertragen und können eine akute, teilweise perakut verlaufende Erkrankung hervorrufen, die sich vor allem als Meningitis oder Sepsis manifestiert. Folge eines besonders fulminanten septischen Verlaufs ist das mit hämorrhagischen Nekrosen einhergehende Waterhouse-Friderichsen-Syndrom. Die Letalität der Meningokokken-Erkrankungen beträgt 5 bis 10 %. Meningokokken werden in verschiedene Serogruppen unterteilt, von denen in Deutschland überwiegend die Serogruppen B und C vorkommen. Seit Juli 2006 ist eine Impfung mit einem Meningokokken-C-Konjugat-Impfstoff für alle Kinder im zweiten Lebensjahr von der Ständigen Impfkommission am Robert Koch-Institut (STIKO) empfohlen. Ältere Kinder sollen nachgeimpft werden. Des Weiteren stehen tetravalente Konjugatimpfstoffe gegen die Serogruppen A, C, W und Y sowie seit Dezember 2013 auch ein oberflächenproteinbasierter Impfstoff gegen Meningokokken der Serogruppe B zur Verfügung.

Falldefinition

Im Jahr 2015 ist eine neue Falldefinition in Kraft getreten, nach der sich die Kriterien für das klinische Bild (Einführung des spezifischen und unspezifischen klinischen Bildes) und die Referenzdefinition geändert haben. So erfüllt jetzt ein Fall ohne Labornachweis und ohne epidemiologischen Zusammenhang die Referenzdefinition, wenn das spezifische klinische Bild (Purpura fulminans, inkl. Waterhouse-Friderichsen-Syndrom) erfüllt ist. Nur 25 % der im Jahr 2015 übermittelten Meningokokken-Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen, sind nach der neuen Falldefinition übermittelt worden. Unter den 73 Fällen, die nach der neuen Falldefinition übermittelt wurden, waren 4, die allein aufgrund von Kriterien der neuen Falldefinition die Referenzdefinition erfüllt haben: 3 Fälle mit den Kriterien eines spezifischen klinischen Bildes, aber ohne Labornachweis, und 1 Fall mit labordiagnostischem Nachweis ohne Erfüllung der klinischen Kriterien (s. Tab. 6.33.1). Die nachfol-

Tab. 6.33.1:

Übermittelte Meningokokken-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015.
Für 2015 zusätzlich differenziert nach Version der Falldefinition bei Erfassung

Kategorie	2014		2015 gesamt		Falldefinition vor 2015		Falldefinition 2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch (A)	0		3	1%	0		3	4%
klinisch-epidemiologisch (B)	2	1%	0		0		0	
klinisch-laboridiagnostisch (C)	276	97%	285	97%	216	98%	69	95%
laboridiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	3	1%	2	1%	1	0%	1	1%
laboridiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	5	2%	3	1%	3	1%	0	
alle	286	100%	293	100%	220	100%	73	100%
Referenzdefinition	B+C		B+C, A+B+C+D+E		B+C		A+B+C+D+E	
	278	97%	289	99%	216	98%	73	100%

gende Auswertung bezieht sich auf Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllen.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 erfüllten 289 Fälle die Referenzdefinition, 4 % mehr als im Vorjahr. Damit hat sich der seit 2003 beobachtete abnehmende Trend – in den Jahren 2001 bis 2003 waren noch zwischen 736 und 783 Fälle übermittelt worden – im Jahr 2015 nicht weiter fortgesetzt. Wie in den meisten Vorjahren wurde ein Erkrankungsgipfel im I. Quartal beobachtet, in dem mehr als ein Drittel aller Fälle (36 %) des Jahres 2015 auftraten (s. Abb. 6.33.1). Auch von 2001 bis 2014 traten insgesamt 36 % aller Fälle im I. Quartal auf.

Geografische Verteilung

Die Inzidenz der Meningokokken-Erkrankungen in den Bundesländern lag zwischen 0,2 (Sachsen, Saarland, Schleswig-Holstein und Hessen) und 0,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner in Rheinland-Pfalz und Thüringen (bundesweite Inzidenz: 0,4). Gegenüber dem Median der 5 Vorjahre stieg die Inzidenz in Baden-Württemberg, Brandenburg, Hamburg, Sachsen-Anhalt und Thüringen an. In allen anderen Ländern blieb sie auf dem Niveau der Vorjahre oder darunter (s. Abb. 6.33.2). Von den 187 (65 %) Fällen mit An-

gaben zum Infektionsland wurde bei 177 (95 %) ausschließlich Deutschland als Infektionsland genannt. Bei 10 Fällen wurde ein anderes Land als Infektionsland angegeben: Jeweils 2-mal Italien und Polen und jeweils einmal Äthiopien, Irak, Kosovo, Niederlande, Syrien, Vereinigte Arabische Emirate.

Demografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen traten in den ersten Lebensjahren auf, mit dem Gipfel bei den Säuglingen. Wie in den Vorjahren bestand ein zweiter, kleinerer Gipfel in der Altersgruppe der 15- bis 19-Jährigen. Insgesamt unterschied sich die Inzidenz zwischen männlichem und weiblichem Geschlecht nicht (0,38 vs. 0,33 Erkr./100.000 Einw.).

Nachgewiesene Erreger

Für 246 (85 %) der 289 übermittelten Meningokokken-Erkrankungen lagen Angaben zur Serogruppe des Erregers vor (Vorjahr: 87 %). Abbildung 6.33.4 zeigt die Verteilung dieser Serogruppen. Demnach ist die Serogruppe B, für die bis Ende 2013 kein Impfstoff verfügbar war, mit 177 (72 %) Fällen für die Mehrzahl der Fälle verantwortlich; gefolgt von der Serogruppe C mit 41 (17 %) Fällen. Diese Anteile waren identisch mit denen des Vorjahres.

Abb. 6.33.1: Übermittelte Meningokokken-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2010 bis 2015

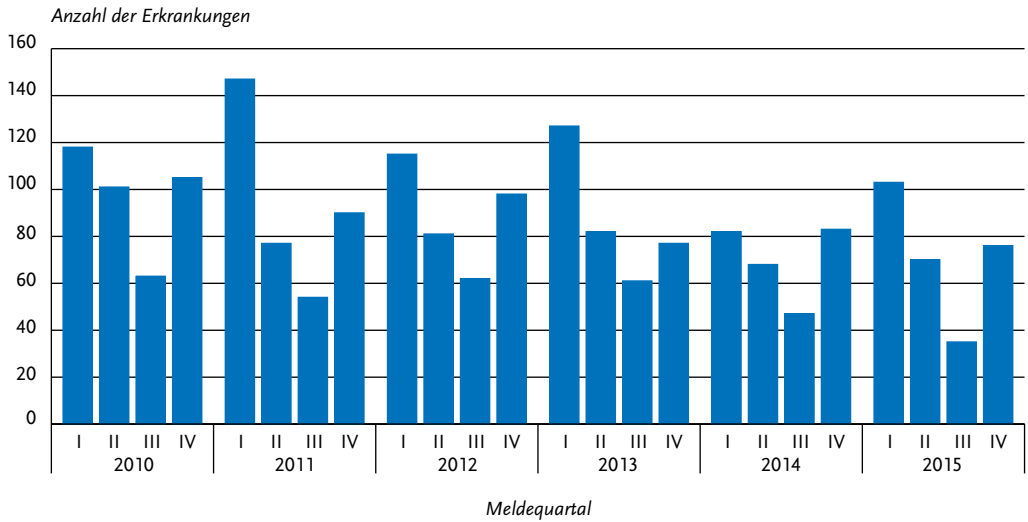


Abb. 6.33.2: Übermittelte Meningokokken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=289) im Vergleich mit den Vorjahren

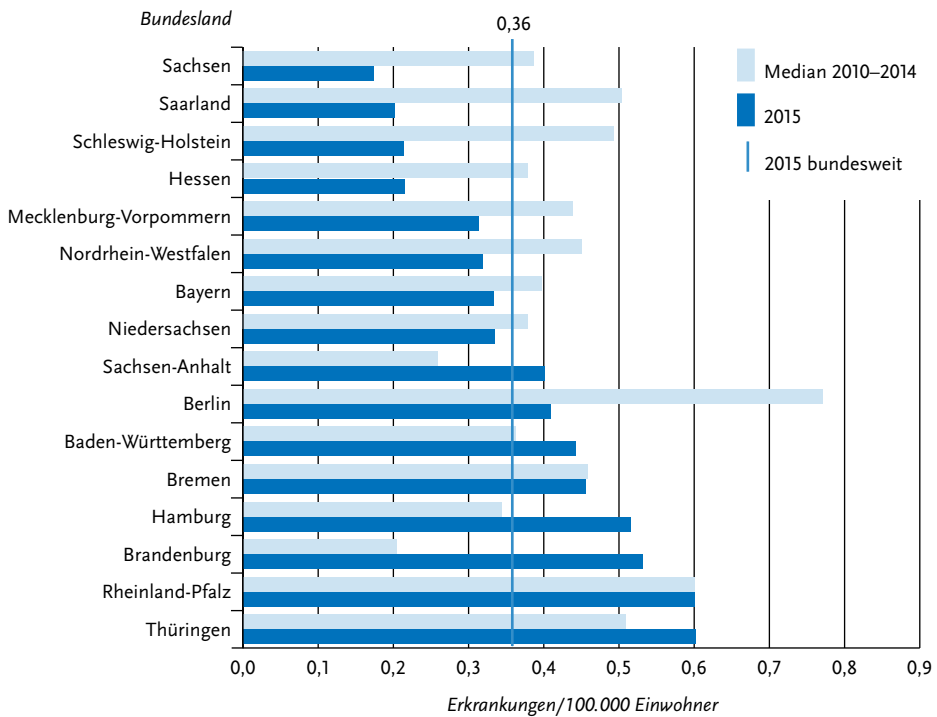
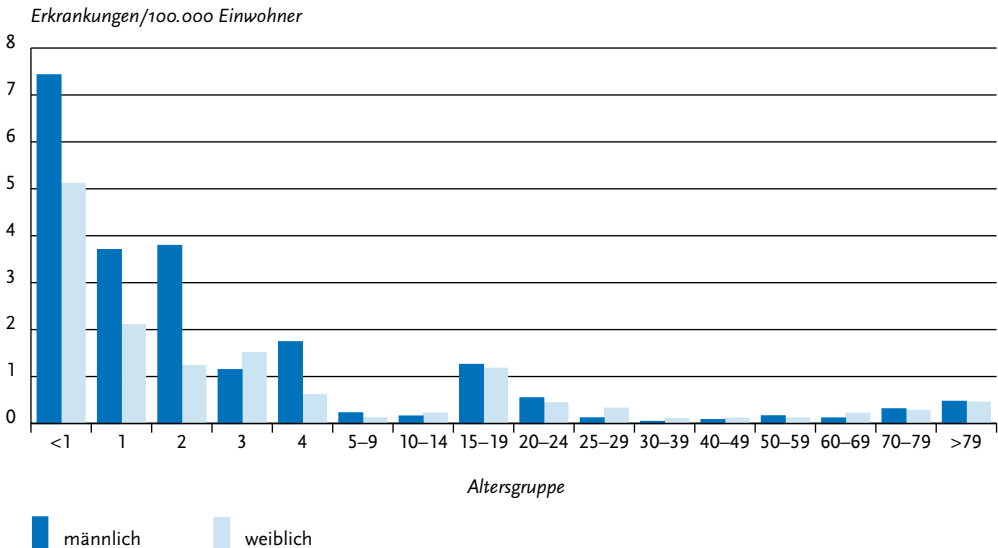


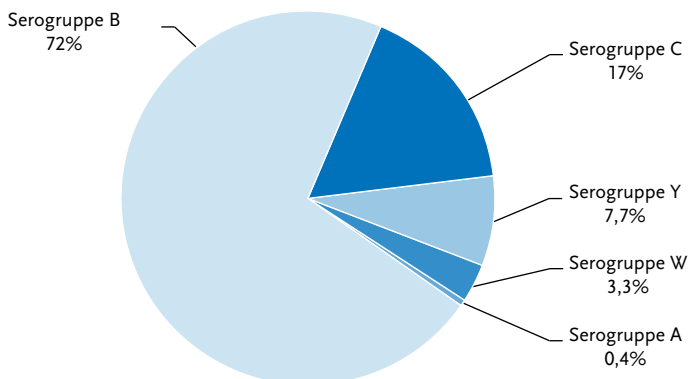
Abb. 6.33.3:
Übermittelte Meningokokken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=289)



Eine Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C wird für alle Kinder ab dem Alter von einem Jahr seit 2006 empfohlen, d. h. Kinder, die im Jahr 2015 1 bis 9 Jahre alt waren, sollten geimpft sein. Von den 60 übermittelten Fällen in dieser Altersgruppe war bei 53 (88%) die Serogruppe angegeben. Der Anteil der Serogruppe C lag bei 9%

(5 Fälle; Vorjahr: 12 %, 6 Fälle). Im Jahr 2006 hatte dieser Anteil noch bei 28 % gelegen. In dieser Altersgruppe nahm die Anzahl der Fälle mit Serogruppe B von 2006 bis 2015 (von 102 auf 47 Fälle) um 54 % ab, während Fälle mit Serogruppe C im selben Zeitraum um 88 % (von 40 auf 5) zurückgingen. Zusammen mit an anderer Stelle veröf-

Abb. 6.33.4:
Übermittelte Meningokokken-Erkrankungen nach Serogruppen, Deutschland, 2015 (n=246)



fentlichten Analysen, die ebenfalls einen stärkeren Rückgang der Meningokokken-C- als der Meningokokken-B-Erkrankungen bei jüngeren Kindern seit 2006 zeigen, sprechen diese Daten für eine Wirksamkeit der Impfung.

Klinische Aspekte

Angaben zur Ausprägung der vornehmlichen Krankheitsmanifestationen Meningitis und Sepsis lagen für 251 (87%) der 289 übermittelten Erkrankungsfälle vor. Bei 115 (46%) Erkrankungen wurde nur Meningitis angegeben und bei 64 (25%) nur ein septisches Krankheitsbild, einschließlich der besonderen schweren Formen des Purpura fulminans oder des Waterhouse-Friderichsen-Syndroms. 72 Fälle (29%) wiesen neben septischen Krankheitsbildern zusätzlich eine Meningitis auf. Das Waterhouse-Friderichsen-Syndroms wurde bei 31 (23%) der 136 Fälle mit Sepsis angegeben (11% aller Fälle mit Angabe zum klinischen Bild), 14-mal in Kombination mit Meningitis.

Insgesamt 28 Fälle mit invasiver Meningokokken-Erkrankung wurden als verstorben übermittelt, davon sind 27 an der gemeldeten Krankheit verstorben und eine Person mit unbekannter Ursache. In 6 Fällen fehlte eine Angabe zum Vitalstatus. Die Gesamtleletalität lag somit bei 9,5% (2014: 8,8%). Die Letalität bei Fällen mit Serogruppe B lag 2015 bei 11% (2014: 7,7%) und bei Fällen mit Serogruppe C bei 13% (2014: 5,3%).

Impfstatus

Die Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C wird von der STIKO seit 2006 für alle Kinder im zweiten Lebensjahr empfohlen. Dazu stehen 3 monovalente Konjugat-Impfstoffe zur Verfügung, die ab dem Alter von 2 Monaten zugelassen sind. Ab dem Alter von einem Jahr ist lediglich eine Impfdosis erforderlich. Wird bereits im Säuglingsalter geimpft, sind im ersten Lebensjahr 2 Impfdosen im Abstand von 2 Monaten erforderlich, mit einer Auffrischimpfung im 2. Lebensjahr. Konjugat-Impfstoffe gegen die Serogruppen A, C, W und Y sind zur Impfung ab dem Alter von einem bzw. 2 Jahren zugelassen. In der Vergangenheit wurden zur Impfung gegen die Serogruppen A und C bzw. A, C, W und Y auch Polysaccharid-Impfstoffe verwendet, die jedoch im Alter unter 2 Jahren nur begrenzt wirksam sind. Die Grundimmunisierung besteht aus einer Impfdosis; Auffrischimpfungen

werden für Konjugat-Impfstoffe bislang nicht, für Polysaccharid-Impfstoffe nach 3 bis 5 Jahren empfohlen. Die Impfung gegen die Serogruppe B ist bislang von der STIKO nur für Risikopersonen empfohlen worden; sie kann jedoch als zugelassener Impfstoff in Anspruch genommen werden und wird in Sachsen von der Sächsischen Impfkommision für Kinder bis 17 Jahre empfohlen. Laut Fachinformation werden für einen wirksamen Schutz bei Säuglingen im Alter unter 6 Monaten 3 Impfdosen benötigt mit einer Auffrischimpfung ab 12 Monaten. Bei Kindern im Alter zwischen 6 und 24 Monaten sind 3 Dosen notwendig; bei allen anderen Altersgruppen lediglich 2 Dosen. Auffrischimpfungen werden bislang nicht empfohlen.

Von 246 übermittelten invasiven Meningokokken-Erkrankungen, für die eine der impfpräventablen Serogruppen nachgewiesen wurde, fehlte bei 43 Fällen (17%) die Angabe zum Impfstatus (darunter 32 von 177 MenB-Fälle, 6 von 41 MenC-Fälle, 1 von 8 MenW-Fälle und 4 von 19 MenY-Fälle). Auch bei 13 von 43 Fällen ohne Angabe der Serogruppe war der Impfstatus unklar. Von den 145 übermittelten Fällen mit der Serogruppe B mit Informationen zum Impfstatus wurde bei 20 eine Impfung angegeben; in 14 Fällen handelte es sich jedoch um eine Impfung gegen Meningokokken C oder A/C und in 6 Fällen wurde die Art der Impfung nicht angegeben. Von den 35 Fällen der Serogruppe C mit Angabe zum Impfstatus hatten 3 eine Impfung gegen eben diese Serogruppe erhalten. Es handelte sich um Kinder im Alter von 5 Jahren (geimpft im Alter von 1 Jahr), 11 Jahren (geimpft im Alter von 3 Jahren) und 17 Jahren (geimpft im Alter von 9 Jahren). Keiner der 28 Fälle mit den Serogruppen A, W oder Y und einer Angabe zum Impfstatus hatte eine Impfung erhalten.

Die Angabe der Serogruppe fehlte bei 4 Fällen, die mit einem monovalentem MenC-Impfstoff geimpft worden waren und bei jeweils einem Fall mit der Angabe einer Impfung mit einem bivalenten AC-Polysaccharidimpfstoff bzw. einem tetravalenten ACWY-Konjugat-Impfstoff.

Ausbrüche

Im Jahr 2015 wurden 3 Häufungen mit insgesamt 8 Fällen (eine Häufung mit 4 Fällen und 2 Häufungen mit 2 Fällen) übermittelt. Bei der ersten Häufung handelte es sich um 4 Personen im Alter von 0, 2, 11 und 21 Jahren, die miteinander verwandt

oder befreundet waren. Bei der zweiten Häufung handelt es sich um 2 Jugendliche im Alter von 15 bzw. 16 Jahren, die auf die gleiche Schule gingen und befreundet waren. Bei der dritten Häufung handelte es sich um 2 Jugendliche im Alter von 15 bzw. 18 Jahren, die die gleiche Party besucht haben, von denen einer an der gemeldeten Erkrankung verstarb. Bei allen Fällen in den 3 Häufungen trat ein septisches Krankheitsbild auf; für alle Fälle lag ein labor diagnostischer Nachweis vor; es handelte sich bei allen Häufungen um Meningokokken der Serogruppe B.

Datenqualität

Die Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu Alter und Geschlecht war sehr hoch. Bei den krankheitsspezifischen Parametern ist die Vollständigkeit verbesserungswürdig. So fehlten häufig Angaben zu den Leitmanifestationen einer invasiven Meningokokken-Erkrankung – Meningitis, Sepsis und Waterhouse-Friderichsen-Syndrom. Diese sollten immer zusätzlich zu den zugrundeliegenden Symptomen wie Fieber, Erbrechen, etc. angegeben werden. Zudem liegt der Anteil der übermittelten Fälle ohne Angaben zur Serogruppe bei 15 % – ein Anstieg gegenüber 13 % im Vorjahr. Ferner fehlten Angaben zum Impfstatus bei 17 % der Fälle mit Angabe einer impfpräventablen Serogruppe. Eine möglichst vollständige Erfassung der Serogruppe und des Impfstatus ist zur Überwachung der Effekte durch die seit 2006 empfohlene Serogruppe-C-Impfung und zur Erkennung von Impfdurchbrüchen unerlässlich, auch nach Impfung mit dem neuen Impfstoff gegen Meningokokken der Serogruppe B, der Ende 2013 erstmalig verfügbar war. Es ist bekannt, dass die Impfantikörper nach einer Impfung mit den Konjugatimpfstoffen gegen die Serogruppen ACWY mit der Zeit abnehmen, insbesondere wenn vor dem Alter von 10 Jahren geimpft wurde, sodass gelegentliche Impfdurchbrüche auftreten können. Ein diesbezüglicher Anstieg wäre ein wichtiger Hinweis für die Notwendigkeit einer Auffrischimpfung; er kann jedoch nur bei Vorliegen des Impfstatus sowie der Serogruppe erkannt werden. Gesundheitsämter sollten meldende Labore auf die Möglichkeit hinweisen, sowohl Isolate als auch Nativmaterial am Nationalen Referenzzentrum für Meningokokken diesbezüglich unentgeltlich untersuchen zu lassen.

Fazit

Die Inzidenz invasiver Meningokokken-Erkrankungen war im Jahr 2015 vergleichbar mit der Inzidenz des Vorjahres. Seit Einführung der Meningokokken-C-Impfung für einjährige Kinder im Jahr 2006 zeigen die Daten vor allem bei der primären Impfzielgruppe der 1- bis 9-jährigen Kinder einen starken Rückgang der Erkrankungen durch die Serogruppe C, der zudem deutlich ausgeprägter als der Rückgang der Serogruppe-B-Erkrankungen ist. Die Überwachung der Serogruppenverteilung und des Impfstatus der Fälle sowie der Impfquoten in der Bevölkerung ist für die Evaluation der Auswirkung der empfohlenen Impfungen sowie zur Entscheidung über gegebenenfalls notwendig werdende Auffrischungsimpfungen unerlässlich.

Literaturhinweise

- Nationales Referenzzentrum für Meningokokken: *Daten des Nationalen Referenzzentrums für Meningokokken für das Jahr 2015*. www.meningococcus.uni-wuerzburg.de/startseite/berichte/daten_2015
- Koch J, Hellenbrand W, Schink S, al. e (2016): *Evaluation of a temporary vaccination recommendation in response to an outbreak of invasive meningococcal serogroup C disease in men who have sex with men in Berlin, 2013–2014*. Euro Surveill 2016. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21364
- Hellenbrand W, Elias J, Wichmann O, et al.: *Epidemiology and surveillance of meningococcal disease and impact of vaccination with meningococcal C conjugate vaccine in Germany*. J Infect 2012; 66:48–56.
- Marcus U, Vogel U, Schubert A, et al.: *A cluster of invasive meningococcal disease in young men who have sex with men in Berlin, October 2012 to May 2013*. Euro Surveill 2013. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20523
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland, 2014*. Epid Bull 2016; 16:129–138
- RKI: *Aktualisierung der Meningokokken-Impfempfehlung: Anwendung des Meningokokken-B-Impfstoffs bei Personen mit erhöhtem Risiko für Meningokokken-Erkrankungen*. Epid Bull 2015; 37:393–410.
- RKI: *Neuerungen in den aktuellen Impfempfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am RKI vom August 2015*. Epid Bull 2015; 35:363–373.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut/Stand: August 2015*. Epid Bull 2015; 34:327–362.
- RKI: *Stand der Bewertung des neuen Meningokokken-B-Impfstoffs Bexsero (Stand August 2014)*. Epid Bull 2014; 36:356–360.
- RKI: *Invasive Meningokokken-Erkrankungen, 2009–2011*. Epid Bull 2012; 39:389–397.

6.34 Milzbrand

Kurzbeschreibung

Milzbrand (auch als Anthrax bezeichnet) wird durch Bakterien der Art *Bacillus anthracis* verursacht. Am Anfang der Ansteckungskette stehen normalerweise pflanzenfressende Säugetiere (Nutz- oder Wildtiere). Abhängig vom Ansteckungsweg können die Haut (Hautmilzbrand), die Lunge (Lungenmilzbrand) oder der Darm (Darmmilzbrand) betroffen sein. Zusätzlich wurde das Krankheitsbild des Injektionsmilzbrandes beschrieben, bei dem es nach Injektion kontaminierter Substanzen zu einer schweren Weichteilinfektion im Bereich der Injektionsstelle kommen kann. Unbehandelt verläuft Milzbrand häufig tödlich. Der Milzbrand-Erreger ist wegen seiner Eignung für bioterroristische Anschläge seit 2001 in das öffentliche Interesse gerückt.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2015 wurde keine Erkrankung an Milzbrand übermittelt. Im Jahr 2012 wurden 4 Erkrankungen an Milzbrand bei i. v.-Heroinkonsumenten übermittelt, wovon ein Patient verstarb. Ebenso wie 2009/2010 standen diese in Deutschland aufgetretenen Erkrankungen im Zusammenhang mit einem europaweiten Ausbruchsgeschehen unter Heroingebrauchern. Vor 2009 war der letzte Fall von Milzbrand in Deutschland im Jahr 1994 bekannt geworden.

Literaturhinweise

- Berger T, Kassirer M, Aran AA: *Injectional anthrax – new presentation of an old disease*. Euro Surveill 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20877
- Grunow R, Verbeek L, Jacob D, et al.: *Injektionsmilzbrand – neu aufgetretene Fälle bei Heroinabhängigen*. Dtsch Arztebl Int 2012; 49:843–848.
- RKI: *Milzbrand bei Drogenkonsumenten*. Stand 14.02.2012. www.rki.de/DE/Content/InfAZ/A/Anthrax/aktuell.html

6.35 MRSA (Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus*), invasive Infektion

Kurzbeschreibung

Staphylococcus aureus ist ein bakterieller Erreger, der natürlicherweise auf Haut und Schleimhäuten von Mensch und Tier vorkommen kann. Er verursacht ein weites Spektrum von Erkrankungen, das von Haut- und Weichteilinfektionen (z. B. Furunkel, Wundinfektionen), Abszessbildungen, Lungenentzündung in nahezu allen Körperregionen bis hin zu schweren systemischen Infektionen wie z. B. Sepsis (Blutvergiftung) reicht. Methicillin-resistente *Staphylococcus-aureus*-Stämme (MRSA) haben eine Resistenz gegen Beta-Laktam-Antibiotika, die ansonsten eine hohe Wirksamkeit bei Staphylokokken-Infektionen besitzen, ausgebildet. Dadurch werden die Therapiemöglichkeiten auf wenige, meist nebenwirkungsreichere Antibiotika eingeschränkt. MRSA hat eine besondere Bedeutung als Erreger von Krankenhausinfektionen, spielt aber auch im ambulanten Bereich eine Rolle. Zudem kommt es regelmäßig zu Übertragungen von kolonisierten Tieren (z. B. Schweinen) auf Menschen.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.35.1).

Die Falldefinition für MRSA wurde 2015 angepasst, wobei die Lungenentzündung als ein Kriterium für das klinische Bild der invasiven MRSA-Infektion gestrichen wurde.

Nach der neuen Falldefinition wurde im Jahr 2015 nur ein Drittel (1.159) der übermittelten Fälle erfasst (s. Tab 6.35.2). Die Änderung der klinischen Kriterien blieb ohne Auswirkung auf die Fallzahlen, da der labor diagnostische Nachweis ausreicht, damit die Referenzdefinition erfüllt ist. Allerdings führt die Änderung der Falldefinition zu einer geringfügigen Verschiebung in der Verteilung der Fälle auf die Kategorien der Falldefinition. So waren unter den 2.156 Fällen mit Angaben zum klinischen Bild, die noch nach der alten Falldefinition erfasst und übermittelt wurden, 31 (1,4 %) durch eine Pneumonie begründet. Erfasst nach der neuen Falldefinition, hätten diese das klinische Bild

Tab. 6.35.1:

Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labor diagnostisch (C)	3.485	91%	3.219	90%
labor diagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	180	5%	155	4%
labor diagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	183	5%	217	6%
alle	3.848	100%	3.591	100%
Referenzdefinition (C+D+E)	3.848	100%	3.591	100%

Tab. 6.35.2:

Fälle von invasiven MRSA-Infektionen (Referenzdefinition, n=3.591); Auswirkung der Falldefinitionsänderung, Deutschland, 2015

	Falldefinition vor 2015	Falldefinition 2015
	Anzahl	Anzahl
Referenzdefinition (C+D+E)	2.432	1.159
davon mit Angaben zu klinischen Kriterien	2.156	1.034
davon mit erfülltem klinischen Bild auch bzgl. der jeweils anderen Falldefinition	2.125	1.034
davon bestätigt nur durch Angabe von Kriterien, die in Falldefinition 2015 entfallen sind	31	–

nicht erfüllt und wären damit der Falldefinitionskategorie D zugeordnet worden (s. Tab 6.35.2).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden 3.591 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, das waren 6,7% weniger als im Vorjahr (3.848). Die Inzidenz in Deutschland betrug 4,4 Fälle pro 100.000 Einwohner. Die Inzidenz im Jahr 2015 ist im Vergleich zum Vorjahr (4,8) zum dritten Mal in Folge gesunken.

Geografische Verteilung:

Die regionalen Inzidenzen lagen zwischen 1,5 (Baden-Württemberg) und 8,9 (Berlin) Fällen/100.000 Einw. (s. Abb. 6.35.1). Die Gründe für die regionalen Unterschiede können durch die erhobenen Surveillance-Daten nicht geklärt werden.

Demografische Verteilung

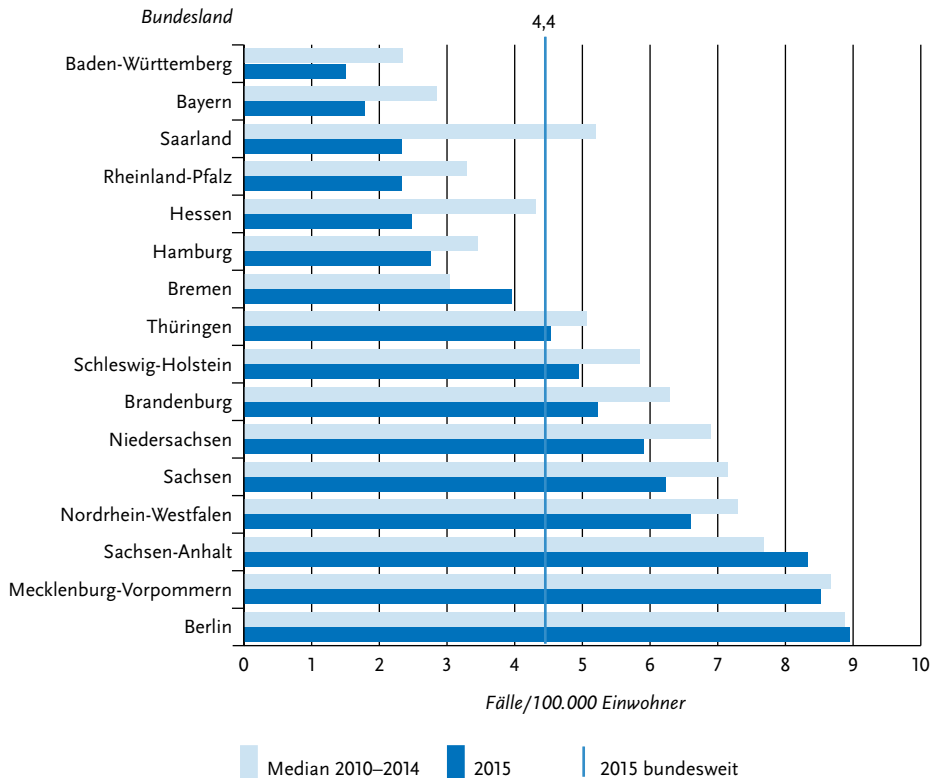
Die Inzidenz übermittelter invasiver MRSA-Infektionen steigt, Kinder in den ersten Lebensjah-

ren ausgenommen, mit zunehmendem Alter an. Die altersspezifische Inzidenz erreichte mit 24 Fällen/100.000 Einw. ihren Gipfel in der Altersgruppe der über 79-Jährigen. In der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen lag sie bei 14. Mehr als 82% der Betroffenen waren 60 Jahre oder älter. In der Altersgruppe der unter 15-Jährigen wiesen Kinder im ersten Lebensjahr die höchste Inzidenz (2,8) auf (s. Abb. 6.35.2). Mit einer Inzidenz von 5,9 Fällen/100.000 Einw. waren Männer deutlich häufiger betroffen als Frauen (3,0).

Klinische Aspekte

Für 3.447 (96%) der 3.591 übermittelten invasiven MRSA-Infektionen lagen Angaben zum Nachweismaterial (Blut oder Liquor) vor. Die MRSA-Nachweise stammten zu 99% aus Blutkulturen. Bei 38 (1,1%) Patienten wurde MRSA im Liquor nachgewiesen, wobei 10 Fälle zusätzlich eine MRSA-Bakteriämie aufwiesen.

Abb. 6.35.1:
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=3.590) im Vergleich mit den Vorjahren



Zu 3.236 der übermittelten Fälle lagen klinische Angaben vor. Für 2.523 (78 %) Fälle wurde ein septisches Krankheitsbild, bei 2.305 (77 %) Fällen wurde Fieber angegeben. Als häufigster Risikofaktor bzw. Ursache einer MRSA-Bakteriämie wurde bei 31 % der Fälle mit klinischen Angaben eine MRSA-Infektion im Zusammenhang mit zentralvenösen Kathetern bzw. invasiven Zugängen anderer Art übermittelt, gefolgt von einer MRSA-Infektion der Haut und Weichteile (21 %) und von einer MRSA-Infektion des Respirationstrakts (18 %).

Es wurden 238 Todesfälle (7,0 % von 3.450 Patienten mit entsprechenden Angaben) berichtet, welche als direkte Folge einer invasiven MRSA-Infektion eingeordnet wurden. Da die Patienten häufig an anderen Grunderkrankungen leiden, ist es für den behandelnden Arzt nicht immer eindeu-

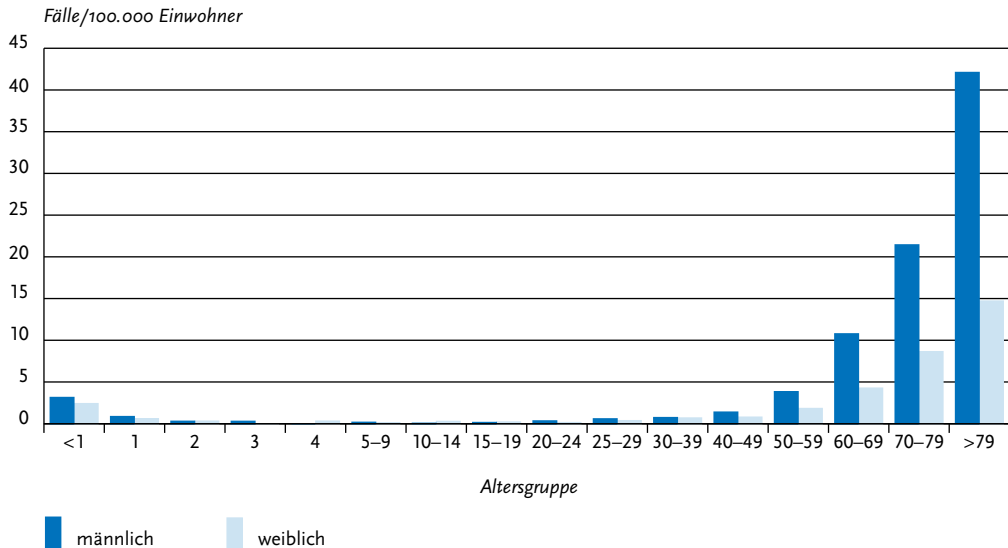
tig abzugrenzen, ob der Patient an oder mit der MRSA-Infektion verstorben ist.

Datenqualität

Die Daten aus der MRSA-Meldepflicht erlauben eine bevölkerungsbezogene Abschätzung der schweren, invasiv verlaufenden MRSA-Infektionen. Mit MRSA-Bakteriämien als Indikator für die Gesamtbelastung aller MRSA-Infektionen im Krankenhaus können Entwicklungen und Trends in Häufigkeit und Verteilung aufgezeigt werden. Zu beachten ist aber, dass die Situation von weniger schwer verlaufenden Infektionen, die vor allem im ambulanten Bereich auftreten, nicht adäquat widerspiegelt wird.

Da der MRSA-Nachweis aus Blut und Liquor kein ausreichend sensitives Instrument für die Er-

Abb. 6.35.2:
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=3.586)



kennung von MRSA-Ausbrüchen ist, wurde auf eine gesonderte Darstellung von MRSA-Ausbrüchen verzichtet.

Eine Untererfassung von MRSA-Fällen ist möglich, wenn z. B. keine adäquate Blutkultur-Diagnostik erfolgt oder bedingt durch eine empirisch durchgeführte antibiotische Therapie die kulturelle Isolierung des Erregers nicht gelingt. Aber auch eine Überschätzung von MRSA-Infektionen muss in Betracht gezogen werden, da bei der Entnahme von Blutkulturen Kontaminationen vorkommen können.

Fazit

Die Inzidenz der übermittelten MRSA-Infektionen ist im Jahr 2015 zum dritten Mal in Folge seit 2012 gesunken. Die Gründe für diesen Rückgang können durch die Meldedaten nicht geklärt werden und bleiben spekulativer Natur. Die epidemiologische Situation nicht-invasiver MRSA-Infektionen oder von MRSA im ambulanten Bereich wird nicht widerspiegelt. Ebenso können Gründe für die regionalen Unterschiede und zwischen den Geschlechtern durch die erhobenen Surveillance-Daten nicht geklärt werden.

Literaturhinweise

- Cuny C, Layer F, Werner G, et al.: *State-wide surveillance of antibiotic resistance patterns and spa types of Methicillin-resistant Staphylococcus aureus from blood cultures in North-Rhine-Westphalia, 2011–2013*. Clin Microbiol Infect 2015; 21:750–757.
- Hogardt M, Proba, P., Mischler D, et al.: *Current prevalence of multidrug-resistant organisms in long-term care facilities in the Rhine-Main district, Germany, 2013*. Euro Surveill 2015. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21171
- Walter J, Espelage W, Cuny C, et al.: *Veterinarians visiting swine farms are at high risk for colonization with live-stock-associated methicillin-resistant Staphylococcus aureus*. Clin Infect Dis 2015; 62:126–128.
- Walter J, Haller S, Blank H, et al.: *Incidence of invasive methicillin-resistant Staphylococcus aureus infections in Germany, 2010 to 2014*. Euro Surveill 2015. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21306
- Eckmanns T, Richter D, Feig M: *MRSA und ESBL in der ambulanten Versorgung: Entwicklung in den Jahren 2008 bis 2012 sowie soziodemografische Unterschiede*. Berl Münch Tierärztl Wochenschr 2014; 127:399–402.
- Empfehlungen zur Prävention und Kontrolle von Methicillin-resistenten Staphylococcus aureus-Stämmen (MRSA) in medizinischen und pflegerischen Einrichtungen*. Bundesgesundheitsbl-Gesundheitsforsch-Gesundheitsschutz 2014; 57:696–732.

Jurke A, Köck R, Becker K, et al.: *Reduction of the nosocomial methicillin-resistant Staphylococcus aureus incidence density by a region-wide search and follow-strategy in forty German hospitals of the EUREGIO, 2009 to 2011*. Euro Surveill 2013. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20579

RKI: *Eigenschaften, Häufigkeit und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Update 2013/2014*. Epid Bull 2015; 31:303–309.

6.36 Mumps

Kurzbeschreibung

Mumps (Parotitis epidemica), umgangssprachlich auch Ziegenpeter genannt, ist eine akute, hochansteckende Viruserkrankung, die aerogen oder direkt über Speichelkontakt übertragen wird und nur beim Menschen vorkommt. Sie ist typischerweise durch Fieber und eine schmerzhafte einseitige (20–30 %) bzw. doppelseitige (70–80 %) entzündliche Schwellung der Ohrspeicheldrüse (Parotis) gekennzeichnet, aber es können auch andere Speicheldrüsen und die Bauchspeicheldrüse (Pankreatitis) betroffen sein. Im Rahmen der Mumps-Erkrankung kann eine Reihe von Komplikationen auftreten, die mit steigendem Alter häufiger werden. Die Erkrankung kann mit einer Meningitis, einer Enzephalitis und einem Hörverlust einhergehen. Bei Erwachsenen kann eine Hodenentzündung (Orchitis), eine Eierstockentzündung (Oophoritis) oder Brustdrüsenentzündung (Mastitis) auftreten. Nach Mumps-Infektion besteht in der Regel eine lebenslange Immunität. 1976 wurde erstmalig eine Empfehlung zur Mumps-Impfung von der Ständigen Impfkommission (STIKO) ausgesprochen. Seit 2001 gilt die aktuell bestehende STIKO-Impfempfehlung, die erste Impfstoffdosis im Alter von 11 bis 14 Monaten zu verabreichen, gefolgt von der zweiten Dosis im Alter von 15 bis 23 Monaten. Seit dem 29.03.2013 besteht gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG) für Ärzte und Labore eine bundesweite Meldepflicht für Mumps bzw. den Nachweis von Mumpsvirus.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.36.1). Nur knapp ein Drittel (29 %) der im

Jahr 2015 übermittelten Mumps-Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllen, sind nach der neuen Falldefinition übermittelt worden. Unter den 137 klinisch-laboridiagnostisch bestätigten Fällen, die nach neuer Falldefinition übermittelt wurden, sind 3 Fälle, die nur durch einen neu hinzugekommenen Nachweis (Antigennachweis) ihre laboridiagnostische Bestätigung erhielten (s. Tab. 6.36.2). Nach alter Falldefinition wären sie als rein klinische Fälle übermittelt worden.

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2015 wurden 699 Mumps-Erkrankungen übermittelt. Im Vergleich zum Vorjahr (835 Erkrankungen) wurden somit 136 Erkrankungsfälle weniger erfasst, was einem Rückgang von 16 % entspricht. Die Anzahl der übermittelten Mumps-Erkrankungen nahm im Jahresverlauf ab (s. Abb. 6.36.1). Eine Bewertung über einen längeren Zeitraum ist nicht möglich, da die bundesweite Meldepflicht für Mumps erst im Frühjahr 2013 in Kraft getreten ist und Meldedaten nicht für das gesamte Jahr 2013 vorliegen.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,9 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die östlichen Bundesländer Brandenburg, Sachsen-Anhalt, Thüringen, Mecklenburg-Vorpommern und Sachsen sowie Hessen, das Saarland, Baden-Württemberg und Niedersachsen blieben mit ihren bundeslandspezifischen Inzidenzen unterhalb der bundesweiten Inzidenz. Die Inzidenzen von Rheinland-Pfalz, Nordrhein-Westfalen, Bremen, Bayern, Berlin, Schleswig-Holstein und Hamburg lagen mit steigenden Werten darüber (s. Abb. 6.36.2). Besonders auffällig ist die hohe Inzidenz in Hamburg, die mit 2,7 wie im Vorjahr deutlich oberhalb der Inzidenz des Bundesdurchschnitts lag. Hierfür ist maßgeblich die hohe Fallzahl bei den 5- bis 9-jährigen Kindern mit einer Inzidenz von 21 Erkr./100.000 Einw. verantwortlich, die mehr als 7-mal so hoch wie der Bundesdurchschnitt von 2,8 in dieser Altersgruppe ist. Angaben zum Infektionsland lagen für 458 Erkrankungen vor (Mehrfachangaben möglich; insgesamt 463 Nennungen). Die Infektion wurde nach diesen Angaben mit 430 von 463 (93 %) Nennungen überwiegend in Deutschland erworben. Als weitere Infektionsorte wurden 9-mal andere europäische Länder

Tab. 6.36.1:
Übermittelte Mumps-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	255	26 %	225	26 %
klinisch-epidemiologisch (B)	37	4 %	52	6 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	543	55 %	422	49 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	57	6 %	53	6 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	94	10 %	116	13 %
alle	986	100 %	868	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	835	85 %	699	81 %

Tab. 6.36.2:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen (Referenzdefinition, n=699); Auswirkung der Falldefinitionsänderung, Deutschland, 2015

	Falldefinition vor 2015	Falldefinition 2015
	Anzahl	Anzahl
Referenzdefinition (A+B+C)	499	200
davon mit Angabe zum Labornachweis	274	137
davon auch gemäß der jeweils anderen Falldefinition laborbestätigt	274	134
davon nur durch in Falldefinition 2015 hinzugekommene Nachweise laborbestätigt	–	3

und 23-mal Länder außerhalb von Europa angegeben.

Demografische Verteilung

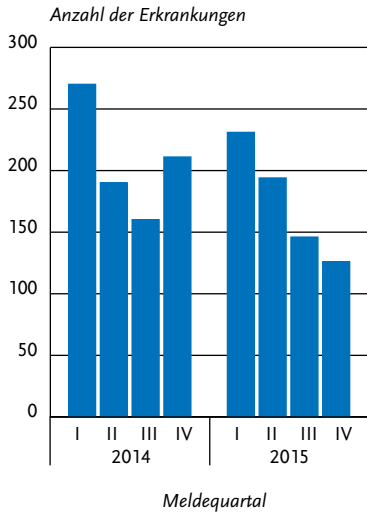
Mumps-Erkrankungen treten in jedem Alter auf. Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden bei den 0- bis 4-Jährigen (2,5 Erkr./100.000 Einw.) und bei den 5- bis 9-Jährigen (2,8) gemessen. Die Inzidenz geht in den höheren Altersgruppen kontinuierlich zurück und betrug bei den Erwachsenen im Alter über 19 Jahren fortlaufend ≤ 1 Erkr./100.000 Einw. Knapp zwei Drittel (64 %) der Personen, für die eine Mumps-Erkrankung übermittelt wurde, waren 15 Jahre und älter. Mumps-Erkrankungen im Alter über 69 Jahre traten nur selten auf (s. Abb. 6.36.3). Geschlechtsspezifische Unterschiede in der Mumps-Inzidenz bestanden nur bei den Kindern im Alter unter 15

Jahren, wo die Inzidenz für die Jungen bei 2,7 und die für die Mädchen bei 2,0 lag. Ansonsten bestehen nur unwesentliche geschlechtsspezifische Inzidenzunterschiede in den einzelnen Altersgruppen; die Mumps-Inzidenz in Deutschland liegt bei Mädchen bzw. Frauen etwa genauso hoch wie bei Jungen bzw. Männern (0,8 und 0,9).

Klinische Aspekte

Für 689 an Mumps erkrankte Personen lagen Angaben zu den aufgetretenen Symptomen vor. Eine typische Mumps-Symptomatik mit ein- oder doppelseitiger Speicheldrüsenschwellung, die das spezifische klinische Bild der Falldefinition erfüllt, wiesen 660 (96 %) Fälle auf. Folgende Symptome, die zum unspezifischen klinischen Bild der Mumps-Erkrankung gehören und nur in Zusammenhang mit dem labordiagnostischen Nachweis

Abb. 6.36.1:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2014 (n=835) und 2015 (n=697)



die Referenzdefinition erfüllen, wurden mit abnehmender Häufigkeit angegeben: Fieber 178-mal (26%), Orchitis 17-mal (2,5%), Pankreatitis 8-mal (1,2%), Hörverlust 5-mal (0,7%), Oophoritis 4-mal (0,6%), Encephalitis 3-mal (0,4%) Meningitis 1-mal (0,1%).

Im Jahr 2015 wurde kein Mumps-assoziiertes Todesfall übermittelt.

Impfstatus

Die Impfung gegen Mumps sollte mit einem Kombinationsimpfstoff (Mumps-Masern-Röteln-Impfstoff) erfolgen. Seit 2001 gilt die aktuelle STIKO-Empfehlung, wonach die erste Impfstoffdosis im Alter von 11 bis 14 Monaten und die zweite Dosis im Alter von 15 bis 23 Monaten verabreicht werden soll. Zwischen den Impfstoffdosen soll ein Mindestabstand von 4 Wochen eingehalten werden. Fehlende Impfstoffdosen sollen bis zum 18. Geburtstag nachgeholt werden. Die Effektivität der Mumps-Impfung beträgt nach einer 1-maligen

Abb. 6.36.2:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=699)

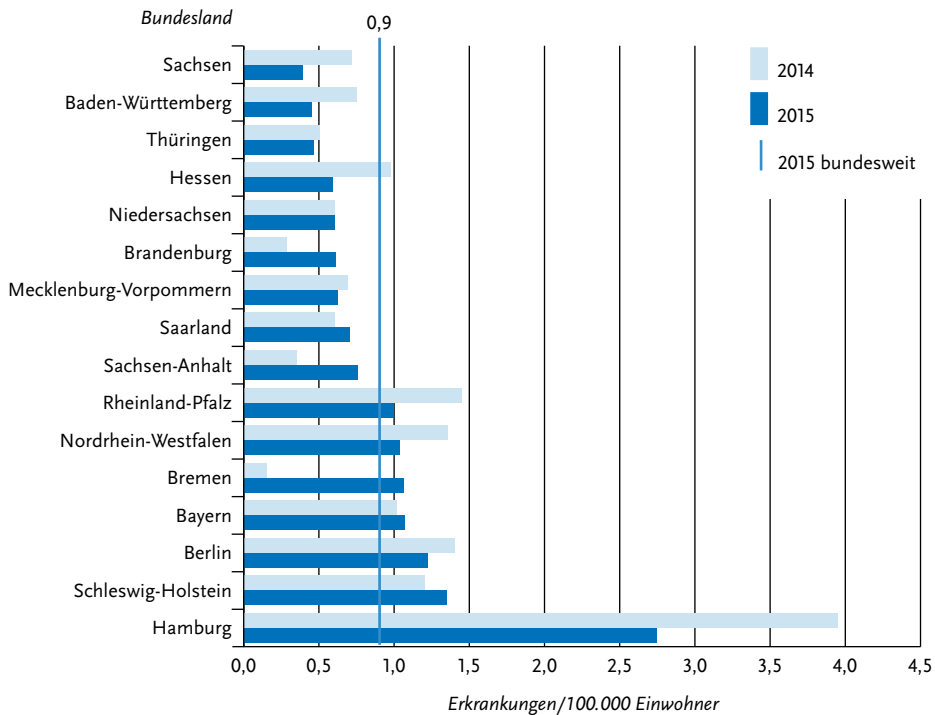
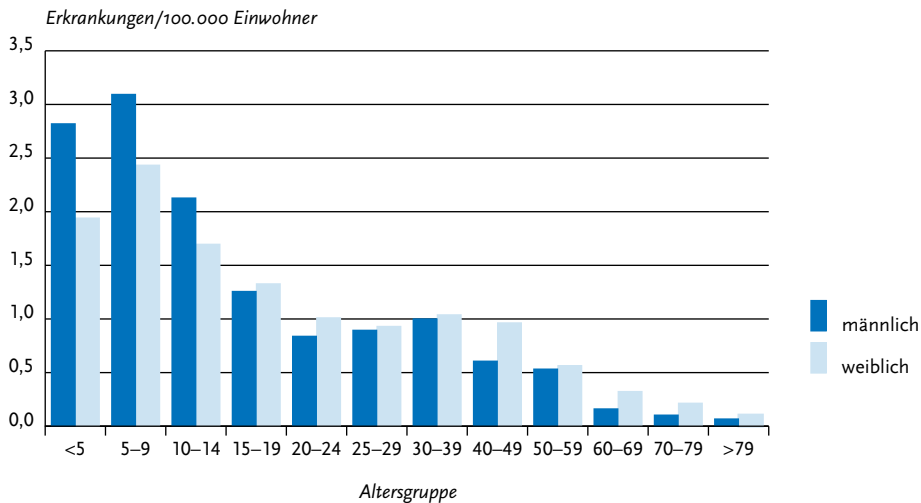


Abb. 6.36.3:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=694)



Impfung 78 % (49–92) und nach einer 2-maligen Impfung 88 % (66–95).

Von den 699 gemeldeten Mumps-Erkrankten wurden 212 als geimpft und 321 als ungeimpft übermittelt; bei 166 Erkrankten war der Impfstatus unbekannt (s. Abb. 6.36.4). Bei 145 der 212 geimpften Fälle lagen ausreichende und plausible Angaben zur weiteren Bewertung des Impfstatus vor. 45 Erkrankte wurden einmal geimpft, 100 Erkrankte mehr als einmal. Bei 3 der 45 einmal Geimpften wurde die Impfung in einem zeitlichen Zusammenhang mit der Erkrankung (innerhalb von 21 Tagen) verabreicht, was für eine postexpositionelle Impfung im Rahmen der Kontrollmaßnahmen zur Verhinderung von weiteren Fällen spricht. 35 Patienten waren zum Zeitpunkt der einmaligen Impfung, die mehr als 21 Tage, überwiegend schon viele Jahre zurücklag, jünger als 18 Jahre und gelten daher als unvollständig geimpft. Nach den Angaben zum Impfstatus waren 7 der 1-mal Geimpften und 99 der 2-mal oder mehr geimpften Fälle vollständig und zeitgerecht geimpft worden, so dass in diesen Fällen von wahrscheinlichen Impfdurchbrüchen ausgegangen werden muss. Auch von den 100 mindestens 2-mal Geimpften waren die meisten (n=94; 94 %) zum Zeitpunkt der Impfung unter 18 Jahre alt. Im Mit-

tel lag die letzte Impfung etwa 7,9 Jahre zurück (Median: 6,6 Jahre).

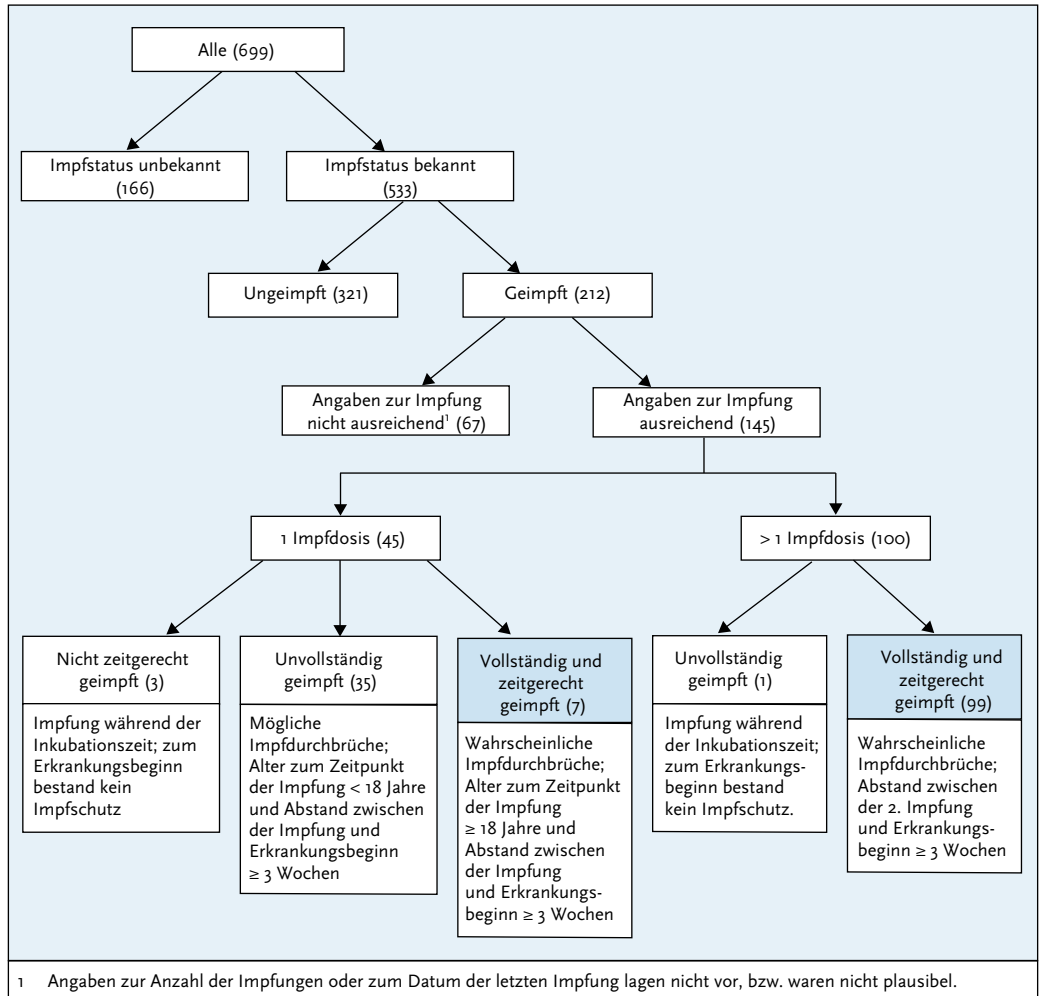
Ausbrüche

Es wurden 16 Ausbrüche mit insgesamt 77 Fällen übermittelt, was etwa 11 % der übermittelten Mumps-Erkrankungen entspricht. Die Mehrzahl der Ausbrüche (11 von 16) wurde mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen übermittelt. Unter den Ausbrüchen mit ≥ 5 Fällen waren 2 Ausbrüche mit jeweils 7 Fällen und der größte Ausbruch mit 28 Fällen. Bei dem zuletzt genannten handelte es sich um einen Ausbruch in einem Wohnheim für Kinder in Nordrhein-Westfalen, der sich im Frühjahr 2015 ereignete. Leider fehlen bei den Kindern im Alter von 4 bis 13 Jahren die Angaben zum Impfstatus.

Datenqualität

Da die Mumps-Erkrankung in den meisten Fällen mit einer typischen Symptomatik einhergeht, ist der große Anteil (19 %) von Fällen, die labordiagnostisch bestätigt sind, aber die Referenzdefinition nicht erfüllen, da das klinische Bild nicht erfüllt ist (Falldefinitions-kategorie D; 6 %) oder nicht bekannt ist (Falldefinitions-kategorie E; 13 %) verwunderlich. Diese Beobachtung könnte ein Hinweis

Abb. 6.36.4:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2015 (n=699)



darauf sein, dass die ärztliche Meldepflicht noch nicht hinreichend bekannt ist und zusätzlich notwendige Recherchen zur Klärung des Sachverhalts nicht durchgeführt werden. Weiterhin scheint es möglich, dass ein Teil der Gesundheitsämter noch nicht nach den Falldefinitionen der 2013 neu eingeführten bundesweiten Meldepflicht für Mumps, die neben der Parotitis noch andere Symptome (Fieber, Orchitis, Parotitis etc.) beinhaltet, übermitteln konnten, da die Software eventuell noch nicht

aktualisiert wurde. Ferner fällt auf, dass der Anteil an Fällen, die Ausbrüchen zugeordnet werden können, mit 11% relativ gering war und Mumps-Erkrankungen überwiegend als Einzelfälle übermittelt werden. Zur besseren Darstellung der Mumps-Epidemiologie in Deutschland sollte zukünftig versucht werden, Infektionsketten umfassender aufzuklären und entsprechend zu melden und zu übermitteln. Damit es möglich ist, fortlaufend über einen Überblick über die molekularepi-

demiologische Verbreitung der prävalenten Mumpsviren zu verfügen, soll an dieser Stelle daran erinnert werden, dass Untersuchungsproben zur Genotypisierung an das NRZ für Masern, Mumps und Röteln geschickt werden können.

Fazit

Unter den impfpräventablen Erkrankungen ist Mumps mit 699 übermittelten Fällen eine Krankheit mit einer mittleren Fallzahl zwischen 500 und 1.000 Fällen. Es fällt auf, dass die Inzidenzen in den östlichen Bundesländern alle im unteren Bereich unterhalb des Bundesdurchschnitts liegen. Dies könnte Ausdruck der bekanntermaßen höheren Impfquoten in diesen Regionen sein. Bedenklich ist der hohe Anteil (15%) an wahrscheinlichen Impfdurchbrüchen bei den Mumps-Erkrankten. Dieser Sachverhalt muss weiter untersucht werden, um zu klären, welche Faktoren für den nicht zureichenden Schutz nach kompletter Impfung verantwortlich sind.

Literaturhinweise

- Takla A, Böhmer MM, Klinc C, et al.: *Outbreak-related mumps vaccine effectiveness among a cohort of children and of young adults in Germany 2011*. Hum vaccin immunother 2014; 10:140–145.
- Koch J, Takla A: *Effekte der Masern-Mumps-Röteln (MMR)-Impfung auf die Epidemiologie von Mumps in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl-Gesundheitsforsch-Gesundheitsschutz 2013; 56:1305–1312.
- Takla A, Wichmann O, Klinc C, et al.: *Mumps epidemiology in Germany 2007–11*. Euro Surveill 2013. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20557
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland, 2014*. Epid Bull 2016; 16:129–134
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut/Stand: August 2015*. Epid Bull 2015; 34:327–362.
- RKI: *Ständige Impfkommission (STIKO) am RKI; Begründung der geänderten Empfehlung zur Impfung gegen Mumps*. Epid Bull 2012; 31:314–318.

6.37 Norovirus-Gastroenteritis

Kurzbeschreibung

Noroviren gehören zur Gruppe der Caliciviren. Sie sind weltweit verbreitet und für einen Großteil der nicht bakteriell bedingten ansteckenden Magen-Darm-Infektionen bei Kindern und Erwachsenen verantwortlich. Die charakteristische Symptomatik besteht aus schwallartigem Erbrechen. Erkrankungen treten überwiegend in den Wintermonaten auf. Die Übertragung erfolgt fäkal-oral (z. B. Handkontakt mit kontaminierten Flächen) oder durch die orale Aufnahme virushaltiger Tröpfchen, die im Rahmen des Erbrechens entstehen. Häufig sind Noroviren Ursache von Ausbrüchen in Altenheimen, Krankenhäusern und Gemeinschaftseinrichtungen. Infektionen können auch über kontaminierte Lebensmittel erfolgen.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.37.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden dem RKI 89.045 Norovirus-Gastroenteritiden übermittelt, entsprechend einer bundesweiten Inzidenz von 110 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Damit stieg die Gesamtinzidenz im Vergleich zum Vorjahr an, lag jedoch unter dem Median der letzten 5 Jahre (141 Erkr./100.000 Einw.).

Das Maximum der Saison 2014/2015 lag in der 5. Meldewoche 2015, in der 4.095 Erkrankungen übermittelt wurden. Das vorläufige Maximum der Saison 2015/2016 lag bis zum Jahresende 2015 mit 2.014 Erkrankungen in der 51. Meldewoche (s. Abb. 6.37.1).

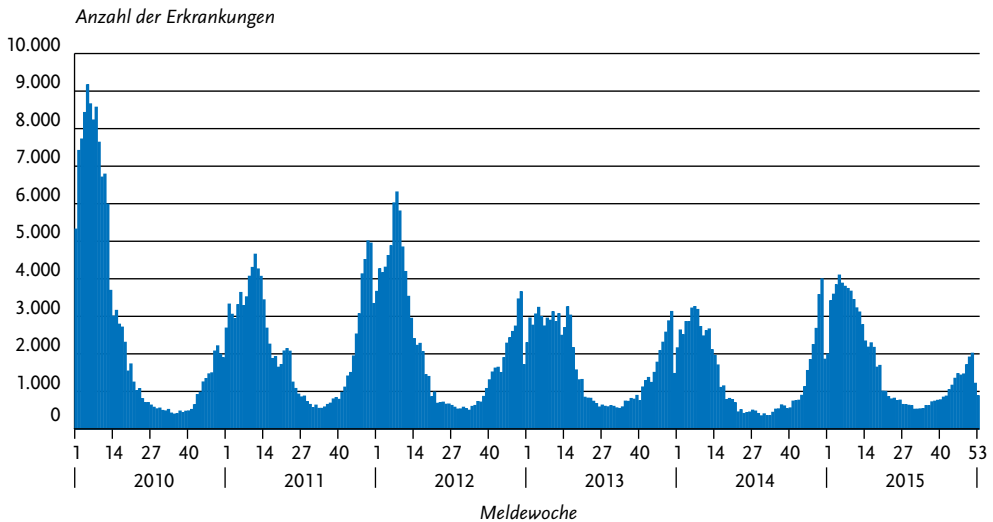
Geografische Verteilung

Während die Erkrankungshäufigkeit in den meisten westlichen Bundesländern und Berlin unter der bundesweiten Inzidenz lag (zwischen 62 und 105 Erkr./100.000 Einw.), war sie in Hamburg (118), in Rheinland-Pfalz (131) und im Saarland höher (150) und erreichte in den östlichen Flächenbundesländern noch höhere Werte zwischen 178 und 251 (s. Abb. 6.37.2). Hier spiegelt sich wahrscheinlich, wie auch in den Vorjahren, ein regional

Tab. 6.37.1:
Übermittelte Norovirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	75.097	89 %	89.045	86 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	3.979	5 %	3.348	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	5.012	6 %	10.708	10 %
alle	84.008	100 %	103.101	100 %
Referenzdefinition (C)	75.097	89 %	89.045	86 %

Abb. 6.37.1:
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2010 bis 2015



unterschiedliches Diagnose- und Meldeverhalten wider.

Bei 57.056 der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum möglichen Infektionsland erhoben. Dabei handelte es sich in 99 % der Fälle um Deutschland.

Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden, wie in den Vorjahren, bei Kindern im Alter unter 5 Jahren (579 Erkr./100.000 Einw.) sowie bei über 79-Jährigen (418) verzeichnet (s. Abb. 6.37.3).

Während bei Kindern Jungen höhere Inzidenzen aufwiesen, waren bei den über 14-jährigen Jugendlichen und Erwachsenen mit Ausnahme der 60- bis 79-Jährigen die Inzidenzen bei Mädchen und Frauen höher. Insgesamt war die Inzidenz bei Frauen, wie bereits in den Vorjahren, höher als bei Männern (119 bzw. 101).

Klinische Aspekte

Als krankheitsbedingt verstorben wurden 21 Norovirus-Erkrankungen übermittelt. Die Letalität der Norovirus-Gastroenteritis betrug damit 0,02 %.

Abb. 6.37.2:
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=89.045) im Vergleich mit den Vorjahren

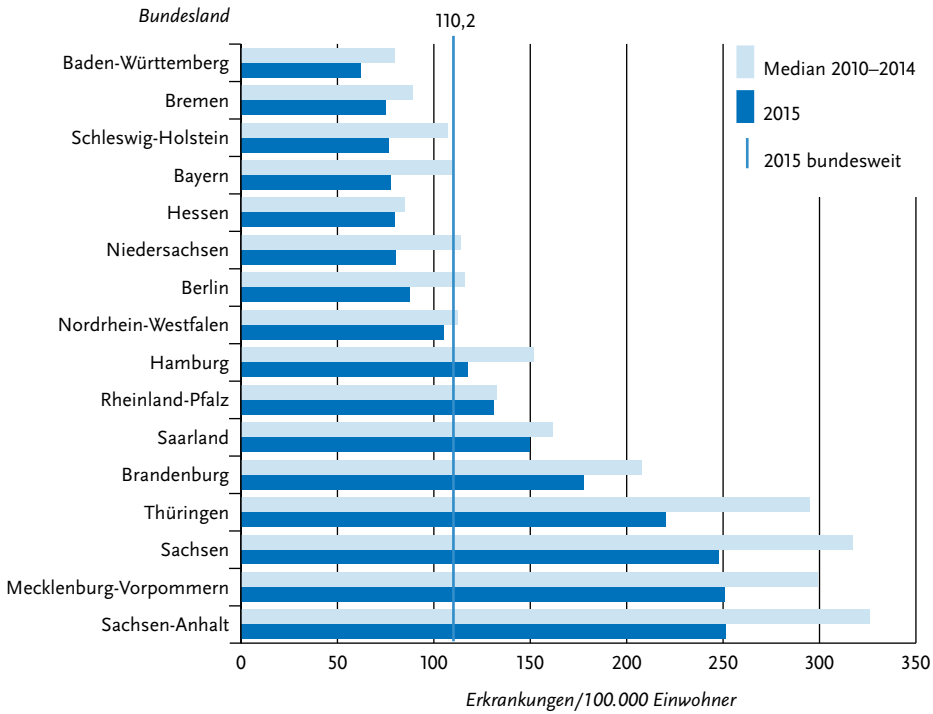
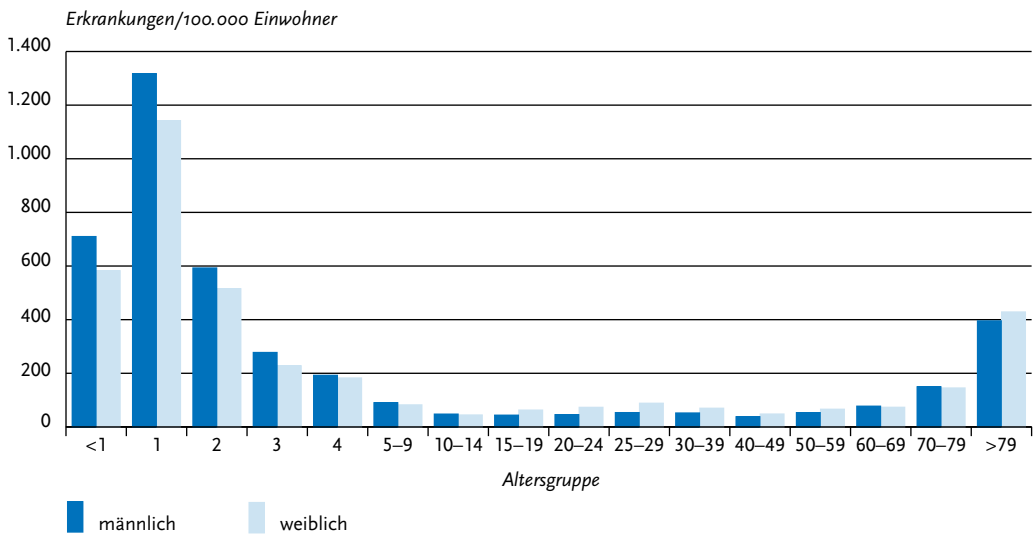


Abb. 6.37.3
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=89.045)



Ausbrüche

Im Gegensatz zu anderen Übermittlungskategorien werden dem RKI die klinisch-epidemiologisch bestätigten Norovirus-Gastroenteritiden nicht übermittelt. Deshalb wird hier auf eine Unterscheidung der Ausbrüche nach Größe verzichtet (s. Datenqualität).

Insgesamt wurden 17.980 (20 %) Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt. Die Anzahl der im Berichtsjahr übermittelten Ausbrüche war mit 3.975 höher als im Vorjahr, allerdings weiterhin seit 2013 auf einem niedrigeren Niveau als in den Jahren 2007 bis 2012.

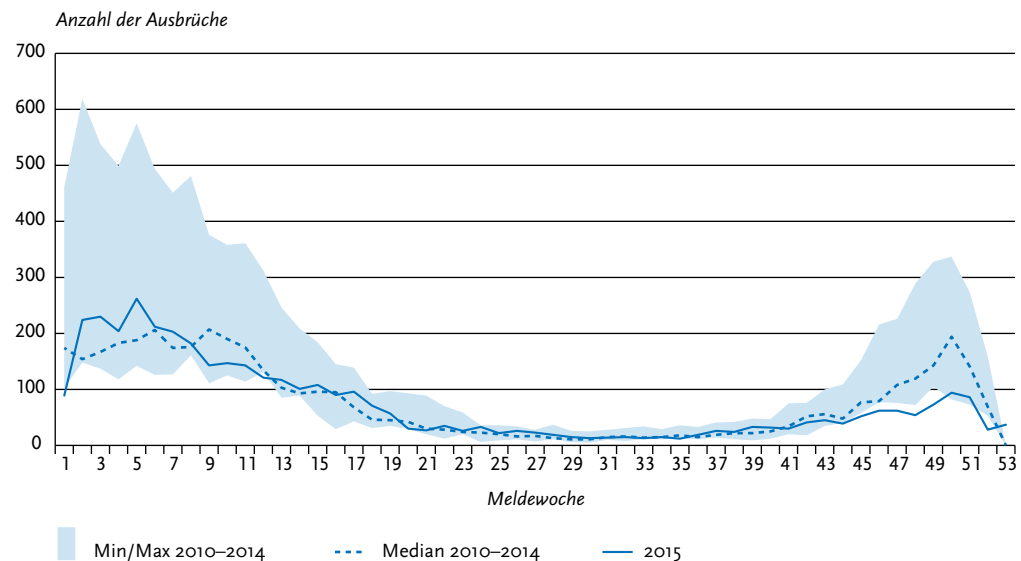
Die höchste wöchentliche Zahl an Ausbrüchen in der Saison 2014/2015 wurde in der 5. Meldewoche übermittelt (262). Die vorläufig höchste wöchentliche Anzahl an Ausbrüchen in der Saison 2015/2016 lag bis zum Jahresende 2015 mit 94 Ausbrüchen in der 50. Meldewoche (s. Abb. 6.37.4).

Für 68 % aller übermittelten Ausbrüche lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Von diesen betraf ein Großteil Krankenhäuser (38 %), Alten- und Pflegeheime (21 %), Kinderbetreuungseinrichtungen (13 %) sowie private Haushalte (11 %).

Bei der molekularen Genotypisierung der am Konsiliarlabor für Noroviren untersuchten Ausbrüche der Saison 2014/2015 (Juli 2014 bis Juni 2015) und von Juli 2015 bis Februar 2016 wurden in 44 % bzw. 60 % Viren der Genogruppe II als Auslöser gefunden. Ähnlich wie in den vorherigen 4 Wintersaisons zwischen 2010/2011 und 2013/2014 war der Genotyp GII.4 in der Saison 2014/2015 bei 40 % der Ausbrüche am häufigsten nachweisbar, wobei fast ausschließlich die Driftvariante GII.4 2012 Sydney nachgewiesen wurde. Im Zeitraum Juli 2015 bis Februar 2016 konnte hingegen nur bei 27 % der untersuchten Ausbrüche der Genotyp GII.4 detektiert werden. Die seit 2012 zirkulierende Rekombinante aus der Variante GII.4 2012 Sydney und GII.4 2009 New Orleans wurde bei jeweils 11 % der Ausbrüche in den beiden Saisons ermittelt. Die Zirkulation weiterer rekombinanter Viren der Genogruppe I und II nahm gegenüber der vorhergehenden Saison 2013/2014 nicht zu und lag weiterhin bei einem Anteil von 30 %; zwischen Juli 2015 und Februar 2016 bei 35 %. Im April 2015 wurde der bis dahin seltene Genotyp GII.17 zum ersten Mal bei einem Ausbruch in Niedersachsen nachgewiesen und war im Zeitraum

Abb. 6.37.4

Übermittelte Ausbrüche von Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldebeginn, Deutschland, 2015 (n=3.975) im Vergleich mit den Vorjahren



Juli 2015 bis Februar 2016 mit 14 % der bei Ausbrüchen am zweithäufigsten nachgewiesene Genotyp. Diese Entwicklungen betreffen auch Diagnostiklabore, da entsprechende Nachweissysteme überprüft werden müssen.

Datenqualität

Seit 2011 erfüllt nur noch die Kategorie der klinisch-labordiagnostisch bestätigten Norovirus-Fälle die Referenzdefinition. Daher liegen dem RKI keine Informationen zu klinisch-epidemiologisch bestätigten Erkrankungen ohne Labornachweis vor, was zu einer deutlichen Unterschätzung der tatsächlich aufgetretenen Fallzahlen führt. Dies wirkt sich auch auf die Darstellung des zeitlichen Verlaufes, der geografischen Verteilung und der Altersverteilung der Norovirus-Gastroenteritiden aus, da erfahrungsgemäß der Anteil nicht laborbestätigter Fälle im Verlauf des Jahres und zwischen den Bundesländern variiert und bei Ausbrüchen in Abhängigkeit vom Ausbruchsetting unterschiedlich hoch ist.

Da klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen definitionsbedingt besonders im Rahmen von Ausbrüchen auftreten (z. B. in Alten- und Pflegeheimen, Krankenhäusern, Kindergärten), betrifft die Unterschätzung sowohl die Anzahl der Ausbrüche (nur noch Ausbrüche mit mindestens 2 klinisch-labordiagnostisch bestätigten Erkrankungen werden als Ausbrüche gezählt) als auch die Ausbruchgröße (nur noch die klinisch-labordiagnostisch bestätigten Erkrankungen dieser Ausbrüche werden gezählt).

Fazit

Die Norovirus-Gastroenteritis ist, auch nach Einschränkung auf die klinisch-laborbestätigten Fälle, weiterhin die Erkrankung mit den meisten jährlich an das RKI übermittelten Erkrankungsfällen. Die Zahl der übermittelten Erkrankungen war 2015 deutlich höher als im Vorjahr.

Literaturhinweise

Bernard H, Werber D, Höhle M: *Estimating the under-reporting of norovirus illness in Germany utilizing enhanced awareness of diarrhoea during a large outbreak of Shiga toxin-producing E. coli O104:H4 in 2011 – a time series analysis.* BMC Infect Dis 2014; 14:116.

Bernard H, Höhne M, Niendorf S, Altmann D, Stark K: *Epidemiology of norovirus gastroenteritis in Germany 2001–2009: eight seasons of routine surveillance.* Epidemiol Infect 2014; 142:63–74.

Bernard H, Faber M, Wilking H, et al.: *Large multistate outbreak of norovirus gastroenteritis associated with frozen strawberries, Germany, 2012.* Euro Surveill 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20719

6.38 Ornithose

Kurzbeschreibung

Die Ornithose (auch als Papageienkrankheit oder Psittakose bezeichnet) wird durch Bakterien der Art *Chlamydia psittaci* (vormals auch als *Chlamydophila psittaci* bezeichnet) verursacht. Der in Vogel-exkrementen und -sekreten lange überlebensfähige Erreger wird durch Einatmen aufgenommen. Eine direkte Übertragung von Mensch zu Mensch kommt wahrscheinlich nicht vor. Das Krankheitsbild ist variabel und reicht von klinisch inapparent bis zu einer schweren Systemerkrankung. Vorherrschend ist eine fieberhafte Lungenentzündung. Daneben können Kopf-, Muskel- und Gelenkschmerzen, eine Leber- und Milzvergrößerung sowie Entzündungen des Herzens, des Gehirns, der Leber und der Bindehäute auftreten. Eine Therapie ist mit Antibiotika möglich.

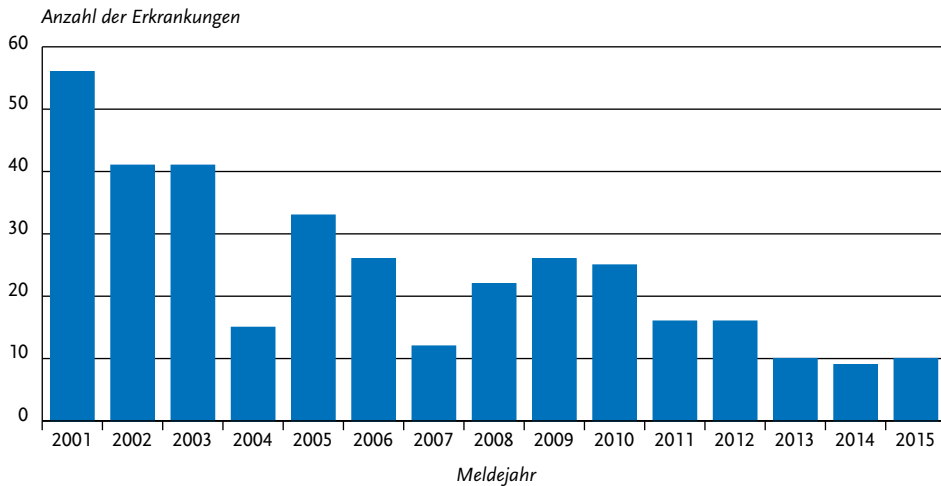
Situation in Deutschland

Im Jahr 2015 wurden 10 Ornithosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Damit liegt die Fallzahl auf ähnlich niedrigem Niveau wie in den 2 Vorjahren.

Fünf der übermittelten Erkrankungen traten in Bayern auf. Aus Sachsen wurden 2 Fälle übermittelt und aus Rheinland-Pfalz, Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen jeweils ein Fall. Für 8 Fälle wurde Deutschland als Infektionsland angegeben. Für 2 Fälle lagen diesbezügliche Angaben nicht vor. Eine zeitliche Häufung von Fällen lag nicht vor.

Die erkrankten Personen waren zwischen 13 und 77 Jahre alt (Median: 53 Jahre). Unter den Erkrankten waren 5 Männer und 5 Frauen. Sieben Erkrankte wurden hospitalisiert, bei einer Person

Abb. 6.38.1:
Übermittelte Ornithosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015



lag hierzu keine Angabe vor. Ein Patient ist krankheitsbedingt verstorben.

Ein Kontakt zu potenziell infizierten Vögeln oder ihren Ausscheidungen war bei 6 Fällen angegeben. Eine erkrankte Person betrieb eine Vogelzucht (Enten, Gänse), 2 waren Vogelhalter (Papageien, Wellen-/Nymphensittiche), eine Person hatte Kontakt zu einem Wildvogel (Amsel) und bei 2 Personen erfolgten keine näheren Angaben hierzu.

Literaturhinweise

International Committee on Systematics of Prokaryotes Subcommittee: *Minutes of the inaugural closed meeting, 21 March 2009, Little Rock, AR, USA*. *Int J Syst Evol Microbiol* 2010; 60:2691–2693.

Rohde G, Straube E, Essig A, Reinhold P, Sachse K: *Chlamydial zoonoses*. *Dtsch Arztebl Int* 2010; 107:174–180.

6.39 Paratyphus

Kurzbeschreibung

Paratyphus wird durch die Serovare Paratyphi A, B und C des Bakteriums *Salmonella enterica* verursacht. Das Serovar Paratyphi B ist weltweit verbreitet, während die Serovare Paratyphi A und Paratyphi C hauptsächlich in wärmeren Ländern heimisch sind. Erkrankungen durch Infektion mit dem enteritischen Pathovar von *S. Paratyphi B*, vormals *S. Java*, die bis 2005 noch als Paratyphus-Infektionen zu werten waren, werden gemäß Falldefinition in der Kategorie der Salmonellose übermittelt. Hauptansteckungsquelle ist der Mensch, der den Erreger mit dem Stuhl ausscheidet. Die Aufnahme erfolgt oral durch verunreinigte Nahrungsmittel, verunreinigtes Trinkwasser oder direkten Kontakt. Das Krankheitsbild gleicht dem des Typhus abdominalis, verläuft aber in der Regel milder.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2015 wurden 36 Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt (s. Abb. 6.39.1). Gegenüber dem Vorjahr ist dies ein Anstieg um 38 %, jedoch nach 2014 (26 Fälle) der zweitniedrigste Wert seit 2001. Die Inzidenz von Paratyphus ist in

den vergangenen Jahrzehnten in Deutschland insgesamt deutlich zurückgegangen: Wurden im Jahr 1951 noch 10 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner erfasst, so lag die Inzidenz im Jahr 2015 wie in den Vorjahren unter 0,1.

Nicht in allen Bundesländern wurden Erkrankungen registriert. Die größten Fallzahlen kamen 2015 aus Baden-Württemberg und Bayern, die zusammen 47 % aller Fälle übermittelten. Weiterhin war die Mehrzahl der Fälle reiseassoziiert. Für 35 Erkrankungen lagen insgesamt 35 Angaben zum Infektionsland vor; 92 % der Nennungen betrafen ausländische Infektionsländer. Am häufigsten wurde Indien (42 % der Nennungen) angegeben, gefolgt von Peru (11 %), Deutschland und Pakistan (je 8 %). Ob es sich bei den Fällen mit Infektionsland Deutschland um sekundäre Infektionen in Folge importierter Erkrankungen handelt, bleibt unklar.

Im Jahr 2015 war, wie zuletzt im Jahr 2002 und im Gegensatz zu den übrigen Vorjahren, die Mehrzahl (64 %) der Erkrankten weiblich.

Bei 35 Fällen wurde ein Serotyp übermittelt. Die Serotypen verteilen sich zu 77 % auf *S. Paratyphi* A, 20 % *S. Paratyphi* B und 3 % auf *S. Paratyphi* C. Auch 2015 wurde Serotyp A fast ausschließlich aus Asien importiert. Ohne Reiseanamnese (Infektionsland Deutschland) gab es 2 Infektionen mit dem Serotyp A.

Todesfälle aufgrund einer Paratyphus-Erkrankung wurden 2015 nicht übermittelt. Bei 2 Fällen wurde eine gemeinsame Exposition – eine Reise nach Peru – übermittelt.

Literaturhinweis

RKI: *Reiseassoziierte Infektionskrankheiten 2013*. Epid Bull 2014; 42:407–415.

6.40 Pest

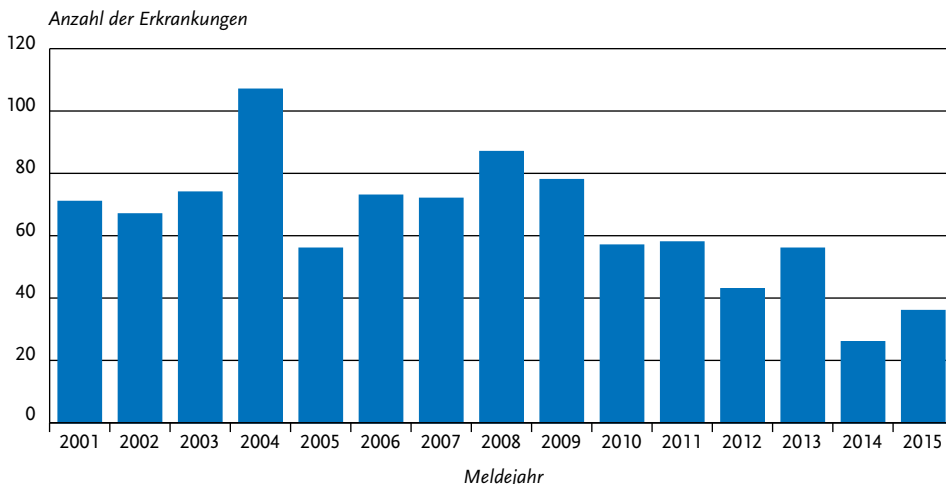
Kurzbeschreibung

Die Pest wird durch die Bakterienart *Yersinia pestis* hervorgerufen. In Gegenden, wo die Pest noch vorkommt, wird der Erreger typischerweise durch Flöhe von befallenen Nagetieren auf den Menschen übertragen. Unterschieden wird zwischen Beulenpest (Befall von Lymphknoten), bei der keine Übertragung von Mensch zu Mensch stattfindet, und Lungenpest mit einer schnellen Ausbreitung von Mensch zu Mensch.

Situation in Deutschland

In den letzten Jahrzehnten sind keine Pest-Fälle in Deutschland aufgetreten.

Abb. 6.39.1: Übermittelte Paratyphus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015



6.41 Poliomyelitis

Kurzbeschreibung

Die Poliomyelitis, auch spinale Kinderlähmung genannt, wird durch Polioviren hervorgerufen, die von infizierten Menschen in großer Zahl mit dem Stuhl ausgeschieden werden. Die Übertragung erfolgt vorwiegend fäkal-oral, eine Übertragung über Tröpfchen ist auch möglich. Es gibt eine wirkungsvolle Schutzimpfung.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2015 wurde in Deutschland keine Erkrankung an Poliomyelitis übermittelt.

Die letzte in Deutschland erworbene Poliomyelitis durch ein Wildvirus wurde 1990 erfasst. Die letzten beiden importierten Fälle (aus Ägypten und Indien) wurden 1992 registriert. Die letzte mit dem Impfvirus in Zusammenhang gebrachte Poliomyelitis trat im Jahr 2000 auf. Es handelte sich dabei um eine Frau mit Antikörpermangelsyndrom, die 1998 mit OPV (orale Polio-Lebendvakzine) geimpft worden war. In Deutschland wurde 1998 von OPV auf IPV (inaktivierte Polio-Vakzine) umgestellt.

Literaturhinweise

- RKI: *Welt-Poliotag 2015 – Noch nie war die globale Situation für die Eradikation so günstig!* Epid Bull 2015; 43:459–460.
 RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut/Stand: August 2015.* Epid Bull 2015; 34:327–362.

6.42 Q-Fieber

Kurzbeschreibung

Q-Fieber wird durch das Bakterium *Coxiella burnetii* verursacht, das sich innerhalb von Zellen ansiedelt. Zecken spielen eine wichtige Rolle im Infektionskreislauf der Wild- und Nutztiere. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt in der Regel auf dem Luftweg über die erregerbelasteten getrockneten Ausscheidungen (insbesondere Geburtsprodukte) infizierter Haus- und Nutztiere sowie bei der durch infektiösen Zeckenkot belasteten

ten Schafschur. In etwa der Hälfte der Fälle kommt es zu einer grippeähnlichen Erkrankung, die durch die Entzündung von Lunge, Leber, Herzmuskel oder Gehirn kompliziert werden kann. Auch chronische Formen (hauptsächlich Herzklappenentzündungen) kommen vor.

Falldefinition

Im Jahr 2015 wurde die Falldefinition für Q-Fieber angepasst. Als klinisches Kriterium wurden Hepatitiszeichen neu aufgenommen, für den serologischen Nachweis wurde der IgG-Antikörnernachweis neu aufgenommen und für den IgM-Antikörnernachweis entfiel die Beschränkung auf Antikörper gegen Phase-2-Antigene. Der Nachweis mittels Komplementbindungsreaktion (KBR) wurde gestrichen. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.42.1).

Von den 322 übermittelten Q-Fieber-Erkrankungen wurden nur 33 (10 %) nach der Falldefinition 2015 erfasst. Von diesen waren 3 Erkrankungen nur durch den neu hinzugekommenen IgG-Antikörnernachweis laborbestätigt. Da sie im Rahmen eines Ausbruchs auftraten, wären sie bei Anwendung der alten Falldefinition (vor 2015) in der Falldefinitions-kategorie B als klinisch-epidemiologisch bestätigt übermittelt worden. Dagegen wurden 16 nach alter Falldefinition erfasste Fälle übermittelt, die nur durch den Antikörnernachweis mittels KBR laborbestätigt waren, der in der Falldefinition 2015 nicht mehr aufgeführt ist (Tab. 6.42.2). Von diesen wären 10 Fälle nach der neuen Falldefinition als rein klinische Fälle nicht mehr übermittelt worden.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden insgesamt 322 Q-Fieber-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt (0,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner), mehr als die Hälfte davon (52 %, n= 167) zwischen der 24. und der 32. Meldewoche (s. Abb. 6.42.1). Im Vergleich zum Vorjahr (262 Fälle) ist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen um 23 % angestiegen.

Geografische Verteilung

Mit Ausnahme von Bremen und dem Saarland wurden aus allen Bundesländern Erkrankungen übermittelt. Inzidenzen oberhalb der bundeswei-

Tab. 6.42.1:
Übermittelte Q-Fieber-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	24	5 %	11	3 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	238	48 %	311	86 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	28	6 %	12	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	202	41 %	29	8 %
alle	492	100 %	363	100 %
Referenzdefinition (B+C)	262	53 %	322	89 %

Tab. 6.42.2:
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen (Referenzdefinition, n=322); Auswirkung der Falldefinitionsänderung, Deutschland, 2015

	Falldefinition vor 2015	Falldefinition 2015
	Anzahl	Anzahl
Referenzdefinition (B+C)	289	33
davon mit Angaben zu klinischen Kriterien	288	33
davon mit erfülltem klinischen Bild auch bzgl. der jeweils anderen Falldefinition	288	33
davon bestätigt nur durch Angabe von Kriterien, die in Falldefinition 2015 hinzugekommen sind	–	0
davon mit Angabe zum Labornachweis	278	33
davon auch gemäß der jeweils anderen Falldefinition laborbestätigt	262	30
davon nur durch Nachweise laborbestätigt, die in Falldefinition 2015 entfallen sind	16	–
davon nur durch in Falldefinition 2015 hinzugekommene Nachweise laborbestätigt	–	3

ten Inzidenz wurden dabei in Baden-Württemberg (1,9) und Hessen (0,8) verzeichnet.

Für 227 (70 %) der übermittelten Q-Fieber-Erkrankungen wurde mindestens ein Infektionsland genannt. Bei 218 Erkrankungen (95 %) wurde als mögliches Infektionsland Deutschland angegeben. Daneben wurden Spanien (3-mal) sowie Afghanistan, Griechenland, Indonesien, Jordanien, Kamerun, Libanon und Österreich jeweils einmal als Infektionsländer genannt.

Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen waren bei den 40- bis 59-Jährigen (0,6 Erkr./100.000 Einw.) zu verzeichnen. Bei den unter 15-Jährigen

wurden insgesamt nur 4 Erkrankungen übermittelt (0,04 Erkr./100.000 Einw.).

Wie in den Vorjahren war die Inzidenz in der männlichen Bevölkerung (0,5 Erkr./100.000 Einw.) höher als in der weiblichen (0,3 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.42.2).

Klinische Aspekte

Für 321 Q-Fieber-Erkrankungen wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 704 Nennungen). Am häufigsten waren dies grippeähnliche Beschwerden und Fieber (je 85 % aller Erkrankungen). Bei 137 Erkrankungen (43 %) wurde eine atypische Pneumonie übermittelt. Es wurde kein bestätigter Todesfall im Zusammenhang mit Q-Fieber übermittelt.

Abb. 6.42.1:
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2010 bis 2015

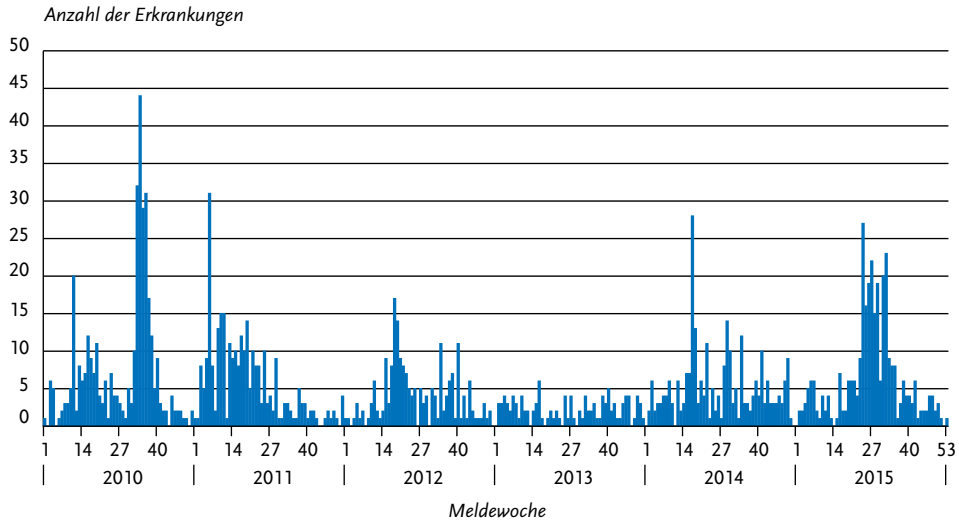
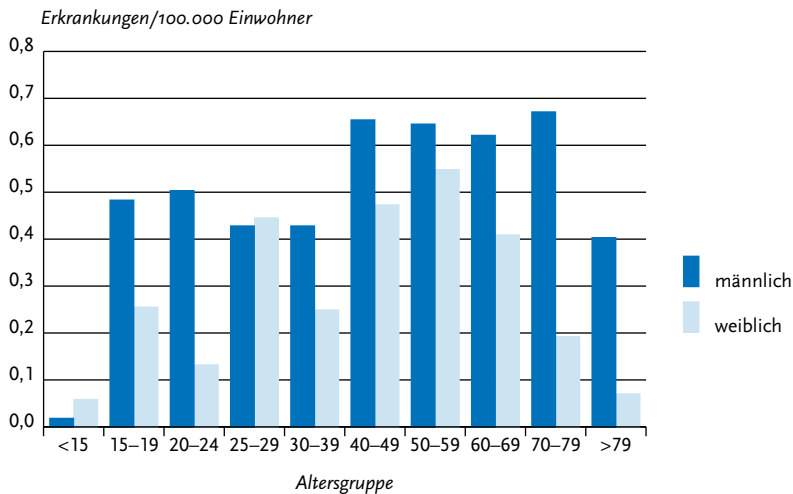


Abb. 6.42.2:
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=322)



Ausbrüche

Es wurden 12 Ausbrüche mit 2 bis 49 Erkrankungen übermittelt. Die 3 größten Ausbrüche ereigneten sich in Baden-Württemberg (49 Erkrankungen aus unterschiedlichen Landkreisen sowie 23 Fälle

im Landkreis Freudenstadt) in Zusammenhang mit vermutlich infizierten Schafbeständen und Hessen (30 Erkrankungen, LK Kassel), ebenfalls in Verbindung zu einem Schafbestand. Die zugehörigen Fälle wurden zwischen der 22. und 34. Melde-

woche übermittelt. Der Anteil der Fälle, die 2015 im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt wurden, lag mit 51 % (163/322) höher als im Vorjahr (45 %).

Literaturhinweise

- Robyn MP, Newman AP, Amato M, et al.: *Q fever outbreak among travelers to Germany who received live cell therapy – United States and Canada, 2014*. MMWR 2015; 64: 1071–1073.
- Georgiev M, Afonso A, Neubauer H, et al. (2013) *Q fever in humans and farm animals in four European countries, 1982 to 2010*. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20407.
- Bernard H, Brockmann SO, Kleinkauf N, et al.: *High seroprevalence of Coxiella burnetii antibodies in veterinarians associated with cattle obstetrics, Bavaria, 2009*. Vector Borne Zoonotic Dis 2012; 12:552–557. 10.1089/vbz.2011.0879
- Hellenbrand W, Schöneberg I, Pfaff G, et al.: *Die Relevanz der Coxiellose bei Tieren für das Q-Fieber beim Menschen – Möglichkeiten der Kontrolle und Prävention*. Tierärztl Prax 2005; 33(G):5–11.

6.43 Rotavirus-Gastroenteritis

Kurzbeschreibung

Rotaviren kommen weltweit vor und verursachen Durchfallerkrankungen, die vor allem Säuglinge und Kleinkinder betreffen. Die Viren werden mit dem Stuhl ausgeschieden und überwiegend durch fäkal-orale Schmierinfektion, aber auch durch verunreinigtes Wasser und verunreinigte Lebensmittel übertragen. Hauptansteckungsquelle ist der

Mensch. Rotavirus-Lebendimpfstoffe für Säuglinge sind seit 2006 in Europa verfügbar. Die Ständige Impfkommission (STIKO) hat im Juli 2013 die Rotavirus-Impfung von Säuglingen empfohlen.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.43.1).

Zeitlicher Verlauf

Die Rotavirus-Gastroenteritis war nach der Norovirus-Gastroenteritis und der *Campylobacter*-Enteritis 2015 die dritthäufigste meldepflichtige Durchfallerkrankung. Die Zahl der Erkrankungen (33.160) stieg im Vergleich zum Vorjahr (32.472) zwar geringfügig an (um 2 %), ist aber die zweitniedrigste seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2001. Der saisonale Gipfel lag im Jahr 2015, wie bereits im Vorjahr, im April. In diesem Monat wurden wöchentlich bis zu 1.687 Erkrankungen übermittelt. Das zwischensaisonale Tief, mit weniger als 500 übermittelten Erkrankungen wöchentlich, begann in der 29. Meldewoche. Ab der 42. bis zur 51. Meldewoche zeichnete sich der Beginn der nächsten Rotavirus-Saison mit leicht ansteigenden Erkrankungszahlen ab (s. Abb. 6.43.1).

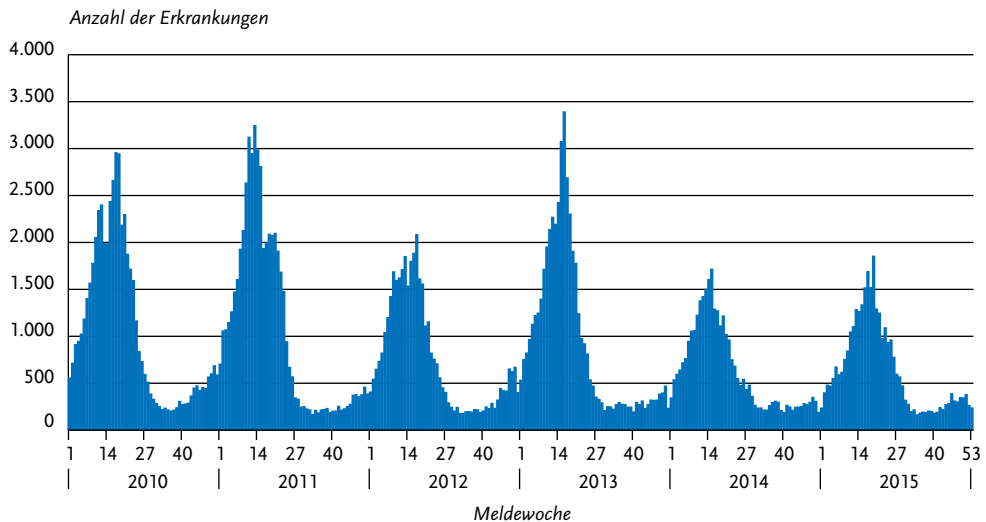
Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für Rotavirus-Gastroenteritiden betrug 41 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und blieb damit deutlich unter dem Median der Inzidenzen der 5 Vorjahre (60). Dies zeigte sich auch mehr oder weniger stark ausge-

Tab. 6.43.1:
Übermittelte Rotavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	4.215	12 %	4.857	13 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	28.257	77 %	28.303	76 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.807	5 %	1.068	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.211	6 %	3.103	8 %
alle	36.490	100 %	37.331	100 %
Referenzdefinition (B+C)	32.472	89 %	33.160	89 %

Abb. 6.43.1:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2010 bis 2015



prägt in den Bundesländern mit Ausnahme von Sachsen-Anhalt und Sachsen. In den ostdeutschen Flächenbundesländern lag die Inzidenz mit Werten zwischen 76 und 132 Erkr./100.000 Einw. erheblich höher als in den westlichen Bundesländern und Berlin (18 bis 48 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.43.2).

Bei 20.293 (61%) der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum Infektionsland gemacht. Dabei wurde bei 98% der Nennungen Deutschland angegeben.

Demografische Verteilung

Rotavirus-Gastroenteritiden treten bevorzugt im Kindesalter auf; 47% der Erkrankungen betrafen Kinder im Alter unter 5 Jahren. Die höchsten Inzidenzen wurden wie im vergangenen Jahr bei Einjährigen (666 Erkr./100.000 Einw.) registriert (s. Abb. 6.43.3). Die Inzidenz der Erkrankung nimmt mit steigendem Alter deutlich ab und steigt erst im fortgeschrittenen Alter wieder erkennbar an. Immerhin betrafen 6.597 (20%) übermittelte Erkrankungen über 69-jährige Personen.

Der seit Jahren beobachtete, fortschreitende rückläufige Trend der Rotavirus-Inzidenz bei den Säuglingen und Einjährigen setzt sich weiter fort.

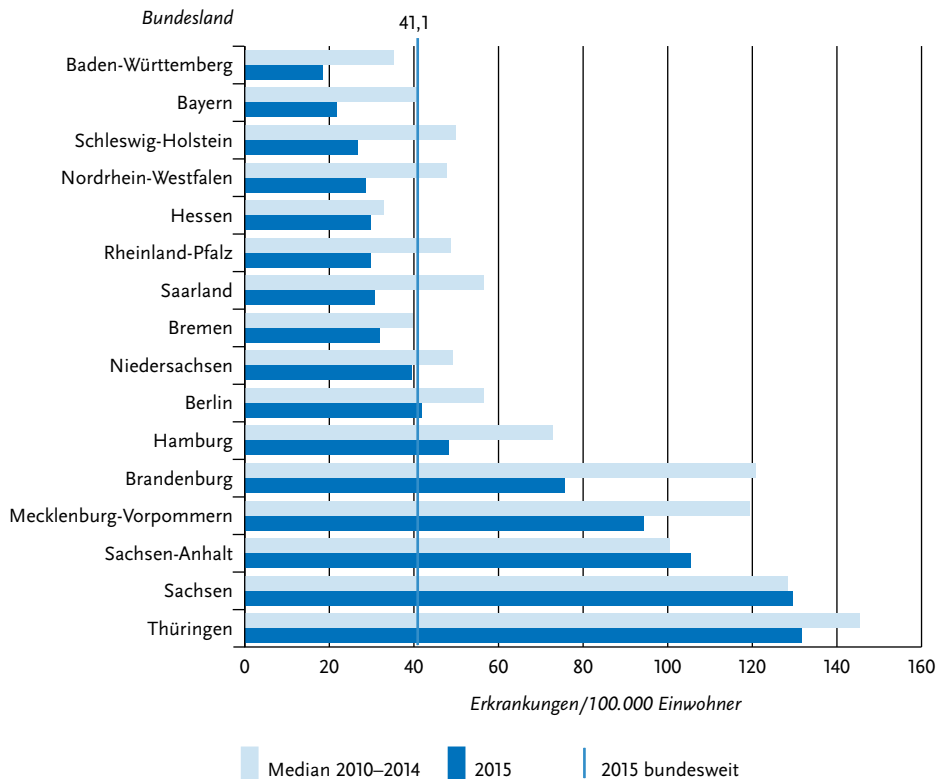
Gleichzeitig deutet sich eine Altersverschiebung in das höhere Kleinkindalter ab. Dies bedingt, dass die Inzidenz bei Einjährigen (666) das Niveau der Zweijährigen (611) fast erreichte. Im Vergleich zum Vorjahr nahm die Inzidenz nur bei den unter 2-Jährigen deutlich ab: bei den Säuglingen um 26% und bei den Einjährigen um 20%. Bei den 2-Jährigen ist die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr um 7,6% gestiegen bei den 3- bzw. 4-Jährigen um 14 bzw. 15%. Ebenfalls gestiegen (um 23%) ist die Inzidenz bei den über 79-Jährigen.

Im Kindesalter sind Jungen etwas häufiger als Mädchen betroffen, während im Jugend- und Erwachsenenalter Frauen in der Regel häufiger erkranken als Männer.

Klinische Aspekte

Angaben zum Vitalstatus lagen für 96% der Fälle vor. Es wurden 6 bestätigte Todesfälle im Zusammenhang mit Rotavirus-Gastroenteritiden übermittelt. Die Verstorbenen waren im Median 88,5 Jahre alt. Betroffen waren Personen zwischen 79 und 101 Jahren. Die Letalität der Rotavirus-Gastroenteritiden betrug 0,02%. Bei 25.724 Fällen (78%) lagen Angaben zu einem Klinikaufenthalt vor, bei 14.931 (58%) Fällen wurde ein solcher bejaht. Der

Abb. 6.43.2:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=33.149) im Vergleich mit den Vorjahren



Anteil der Fälle, die hospitalisiert waren, war in den Altersgruppen der unter 5-Jährigen (65 %) und der älter als 69-Jährigen (59 %) am höchsten und lag bei den 20- bis 49-Jährigen mit 28 % am niedrigsten.

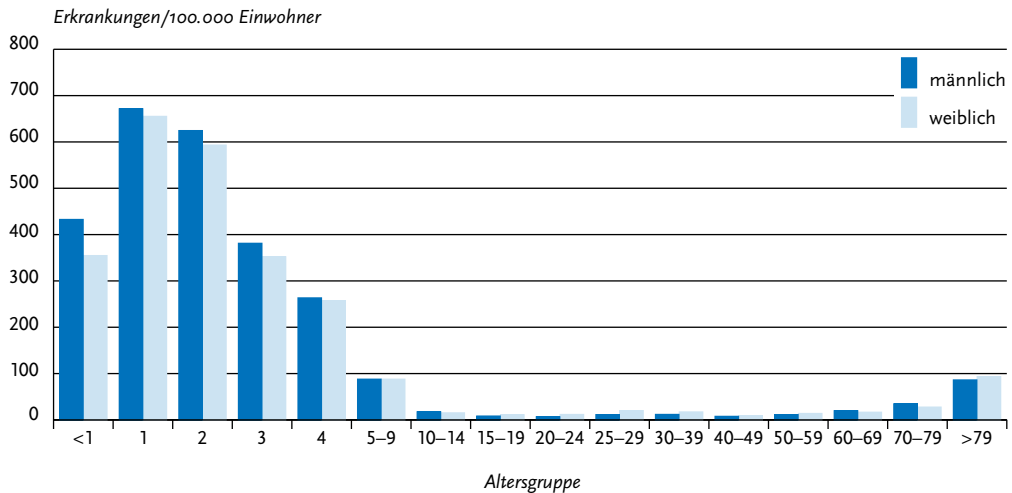
Impfstatus

Zur Impfung gegen die Rotavirus-Gastroenteritis wurden 2006 von der Europäischen Arzneimittelagentur (EMA) 2 Lebendvakzinen für die orale Verabreichung zugelassen: Rotarix® (nachfolgend »Rota-A« genannt) und RotaTeq® (nachfolgend »Rota-B« genannt). Beide sind zur aktiven Immunisierung von Säuglingen ab einem Alter von 6 Wochen bis zu 24 (Rota-A) bzw. 32 Wochen (Rota-B) indiziert. Die Impfserie besteht aus 2 (Rota-A) bzw. 3 (Rota-B) Impfdosen. Zwischen den einzel-

nen Dosen ist ein Zeitabstand von mindestens 4 Wochen einzuhalten. Die Impfserie sollte vorzugsweise bis zum Alter von 16 (Rota-A) bzw. 22 (Rota-B) Wochen verabreicht werden, muss aber auf jeden Fall bis zum Alter von 24 (Rota-A) bzw. 32 (Rota-B) Wochen abgeschlossen sein. Ein Impfschutz besteht ab etwa 14 Tagen nach Abschluss der Impfserie.

Seit Juli 2013 empfiehlt die STIKO eine routinemäßige Rotavirus-Impfung von unter 6 Monate alten Säuglingen. Das primäre Ziel der Impfempfehlung ist es, schwere Rotavirus-Infektionen und insbesondere die dadurch erforderlichen Krankenhausbehandlungen bei Säuglingen und Kleinkindern zu reduzieren. Die Rotavirus-Impfung war bereits seit 2006 in Deutschland verfügbar und die Bundesländer Sachsen, Brandenburg, Mecklen-

Abb. 6.43.3:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=32.974)



burg-Vorpommern, Thüringen und Schleswig-Holstein hatten die Impfung bereits vor 2013 in ihre öffentlichen Impfempfehlungen aufgenommen. Repräsentative Daten zu den Impfquoten sind bisher jedoch nicht verfügbar. Da der Impfstoff keinen lebenslangen Schutz bietet und die Zielpopulation der Impfung Kleinkinder im Alter unter 5 Jahren sind, wird die folgende Auswertung auf die Daten zum Impfstatus von unter 5-jährigen Kindern mit Rotavirus-Gastroenteritiden beschränkt.

Von den 15.612 übermittelten Rotavirus-Gastroenteritiden dieser Altersgruppe (< 5 Jahre) wurden 1.226 Kinder als geimpft, 8.573 als ungeimpft übermittelt; bei 5.813 Fällen war der Impfstatus unbekannt (s. Abb. 6.43.4). Von den geimpften Kindern waren bei 944 die Angaben zur Anzahl der Impfungen oder zum verwendeten Impfstoff sowie bei Säuglingen unter 7 Monaten zum zeitlichen Abstand zwischen Impfung und Erkrankung ausreichend, so dass der tatsächliche Immunschutz bewertet werden konnte. Von diesen 944 Kindern waren 727 vollständig geimpft und mehr als 14 Tage nach Abschluss der Impfserie an einer Rotavirus-Gastroenteritis erkrankt. Diese 727 Fälle wurden als wahrscheinliche Impfdurchbrüche

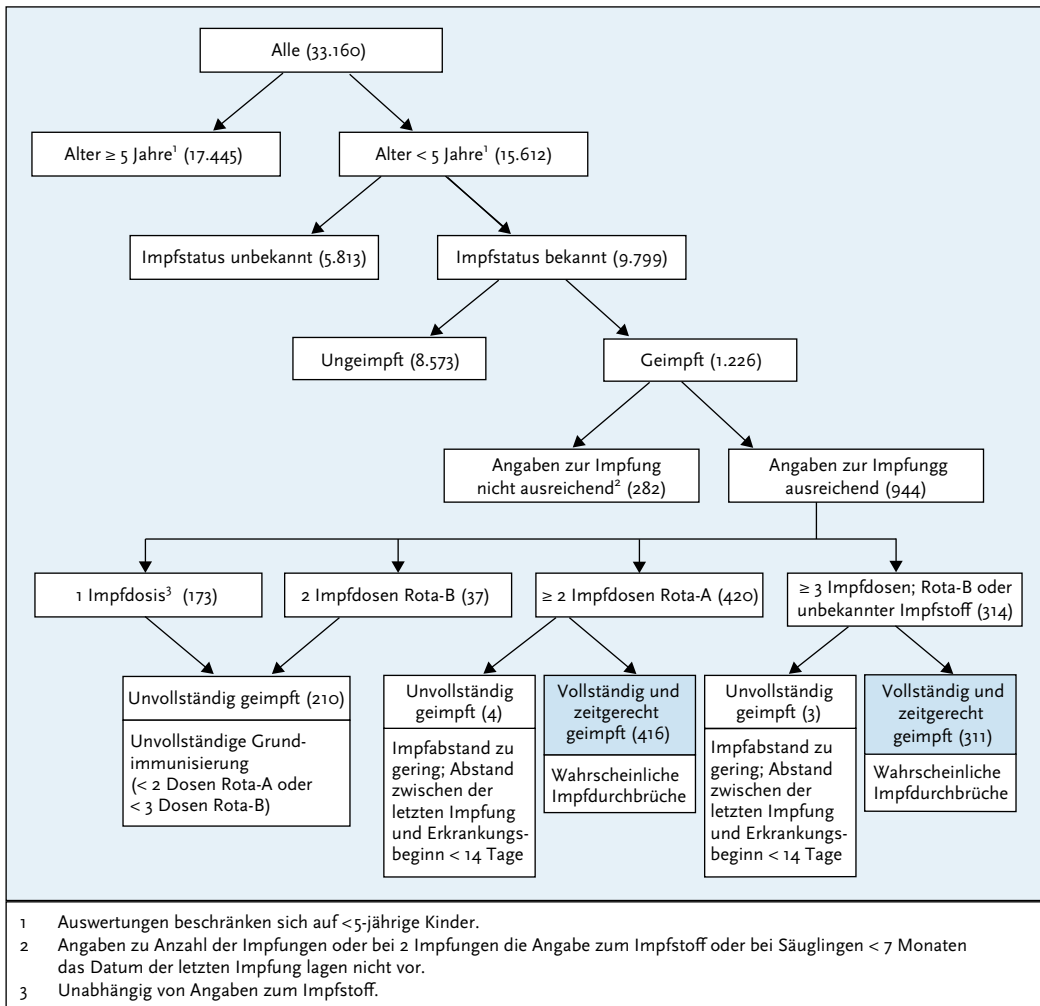
eingestuft. Darunter waren 416 Fälle nach abgeschlossener Rota-A-Grundimmunisierung und 311 Fälle nach abgeschlossener Rota-B-Grundimmunisierung (252) bzw. nach 3-maliger Gabe eines Rotavirus-Impfstoffes ohne Angabe des Präparates (59). Die Diagnose war bei 94 % dieser Fälle labordiagnostisch gesichert. Von den 727 Kindern mit wahrscheinlichen Impfdurchbrüchen waren 84 (12 %) unter einem Jahr, 247 (34 %) ein Jahr, 198 (27 %) 2 Jahre, 128 (18 %) 3 Jahre und 70 (10 %) 4 Jahre alt. Davon wurden 182 (25 %) Kinder stationär behandelt, wobei eine nosokomiale Infektion aufgrund der Erkrankungs- und Krankenhausaufnahmedaten bei 24 Fällen zu vermuten ist.

Aufgrund fehlender Informationen zu Impfquoten in den einzelnen Jahrgängen und des kurzen Beobachtungszeitraums ist eine Interpretation der Ergebnisse bezüglich der Effektivität der Impfung bzw. eines möglicherweise mit der Zeit nachlassenden Impfschutzes nicht möglich. Vertiefende Studien zur Beantwortung dieser Fragestellungen werden notwendig sein.

Ausbrüche

Es wurden 1.066 Ausbrüche mit insgesamt 7.245 Erkrankungen übermittelt (s. Tab. 6.43.2). Die An-

Abb. 6.43.4:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Impfstatus, Deutschland, 2015 (n=33.160)



zahl der Ausbrüche ist im Vergleich zu der des Vorjahres (1.054 Ausbrüche) um 1,1% gestiegen. Insgesamt sind 22% aller Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt worden. Es traten 640 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 1.629 Erkrankungen) und 426 Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen (insgesamt 5.616 Erkrankungen) auf. Für 70% der Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Er-

krankungen lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Es ereigneten sich 47% dieser Ausbrüche in Kindergärten, 29% in Pflege- und Altenheimen, 8,1% in Krankenhäusern sowie 2,0% in Haushalten.

Fazit

Die Rotavirus-Gastroenteritis ist vornehmlich eine Erkrankung des Kindesalters und betrifft vor allem

Tab. 6.43.2:
Übermittelte Ausbrüche von Rotavirus-Gastroenteritiden, Deutschland, 2014 und 2015

	2014		2015	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	702	1.770	640	1.629
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	352	4.664	426	5.616
Alle Ausbrüche	1.054	6.434	1.066	7.245

Säuglinge und einjährige Kinder. Obwohl die Letalität der Rotavirus-Gastroenteritis gering ist, ist die Krankheitslast in Anbetracht der hohen, Hospitalisierungsrate beträchtlich. Der seit 2008 zu beobachtende rückläufige Trend der Rotavirus-Gastroenteritiden, der bei den <2-jährigen Kindern besonders deutlich ist, setzt sich im Jahr 2015 nach einem kurzzeitigen Anstieg der Erkrankungsfälle im Jahr 2013 weiter fort. Vermutlich ist dies das Ergebnis der gesteigerten Inanspruchnahme der Rotavirus-Impfung, die seit Sommer 2013 von der STIKO allgemein empfohlen ist.

Literaturhinweise

- Adlhoch C, Hoehne M, Littmann M, et al.: *Rotavirus vaccine effectiveness and case-control study on risk factors for breakthrough infections in Germany, 2010–2011*. *Pediatr Infect Dis J* 2013; 32:e82–e89.
- Shai S, Perez-Becker R, von König CH, et al.: *Rotavirus disease in Germany – a prospective survey of very severe cases*. *Pediatr Infect Dis J* 2013; 32:e62–67.
- Dudareva-Vizule S, Koch J, An der Heiden M, et al.: *Impact of rotavirus vaccination in regions with low and moderate vaccine uptake in Germany*. *Hum Vaccin Immunother* 2012; 8:10.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut/Stand: August 2015*. *Epid Bull* 2015; 34:327–362.
- RKI: *Stellungnahme zur Rotavirus-Impfung von Früh- und Neugeborenen im stationären Umfeld*. *Epid Bull* 2015; 1:1–10.
- RKI: *Mitteilung der Ständigen Impfkommission (STIKO): Empfehlung und wissenschaftliche Begründung der Empfehlung zur Rotavirus-Standardimpfung von Säuglingen*. *Epid Bull* 2013; 35:349–361.

6.44 Röteln

Kurzbeschreibung

Die Röteln werden durch Viren ausgelöst. Der Mensch ist der einzige bekannte natürliche Wirt für das Rötelnvirus. Die Übertragung erfolgt über Tröpfchen. Besonders im Kindesalter verläuft etwa die Hälfte der Infektionen asymptomatisch. Die Erkrankung ist durch ein kleinfleckiges Exanthem gekennzeichnet, das im Gesicht beginnt, sich über Körper und Extremitäten ausbreitet und nach 1–3 Tagen wieder verschwindet. Weiter können insbesondere Kopfschmerzen, subfebrile Temperaturen und Lymphknotenschwellungen (besonders der nuchalen und retroaurikulären Lymphknoten) auftreten. Seltene (jedoch mit zunehmendem Lebensalter der erkrankten Person häufigere) Komplikationen sind Arthralgien, Arthritiden und Enzephalitiden. Im Falle einer Infektion der Mutter während der Schwangerschaft verursacht eine über die Plazenta erfolgte Infektion beim sich entwickelnden Fetus schwere Schäden, deren Häufigkeit und Schweregrad vom Infektionszeitpunkt während der Schwangerschaft abhängen (koninatale Rötelnembryopathie). Während der ersten 12 Schwangerschaftswochen ist die Gefahr einer Fetopathie bei einer Röteln-Infektion der Mutter extrem hoch. Sie kann zu einer Fehl- oder Totgeburt oder einer Vielzahl von Missbildungen (Embryopathien) wie Taubheit, Augenschäden, geistiger Behinderung, Herzmissbildungen und Knochendefekten führen.

Postnatale Röteln

Situation in Deutschland

Seit 29.03.2013 besteht gemäß IfSG eine bundesweite namentliche Meldepflicht für Ärzte und Labore. Zuvor waren nur konnatale Rötelninfektionen bundesweit nichtnamentlich an das Robert Koch-Institut zu melden. Nur in einigen Bundesländern bestand eine Meldepflicht für die postnatalen Röteln, sodass für den Zeitraum vor 2013 keine bundesweiten Meldedaten zur Verfügung stehen.

Falldefinition

Von 165 im Jahr 2015 übermittelten Röteln-Fällen erfüllten 144 (87%) nicht die Referenzdefinition, weil sie entweder nicht labordiagnostisch oder epidemiologisch bestätigt wurden (41%) oder weil sie die Kriterien für das klinische Bild nicht erfüllen (21%) bzw. keine Angaben zum klinischen Bild vorliegen (25%). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die 21 Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.44.1).

Die Falldefinition hat sich im Jahr 2015 geändert: Mütter von Neugeborenen mit Rötelnembryopathie werden nun als klinisch-epidemiologische Fälle erfasst, auch wenn sie selbst keine weiteren klinischen Kriterien für die Röteln aufweisen und bei ihnen kein labordiagnostischer Nachweis vorliegt. Zu den labordiagnostischen Nachweisen ist der Antigennachweis hinzugekommen. Nur 2 (9,5%) der 21 übermittelten Röteln-Fälle, die die

Referenzdefinition erfüllen, wurden nach der neuen Falldefinition übermittelt. Darunter fand sich weder eine Mutter, die ein Kind mit Rötelnembryopathie geboren hatte, noch ein Fall mit dem Antigennachweis als einzigem Nachweis zur Laborbestätigung.

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2015 wurden 21 Röteln-Erkrankungen übermittelt, die der Referenzdefinition entsprechen. Im Jahr 2014 waren es 40 Fälle. Die der Referenzdefinition entsprechenden Röteln-Erkrankungen wurden auf niedrigem Niveau in allen Monaten übermittelt. So gingen in den ersten 6 Monaten des Jahres 2015 monatlich Daten von 2 bis 5 Fällen am RKI ein. Während der zweiten Jahreshälfte traten die Fälle nur noch sporadisch auf.

Geografische Verteilung

Unter Berücksichtigung der Fälle nach Referenzdefinition ($n=21$) lag die bundesweite Inzidenz bei 0,03 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

Die meisten Fälle nach Referenzdefinition wurden in Bayern und Berlin mit je 6 Fällen erfasst. Aus Nordrhein-Westfalen wurden 3 Fälle übermittelt. Aus Schleswig-Holstein erreichten das RKI Daten von 2 Fällen, aus Thüringen, Rheinland-Pfalz, Niedersachsen und Baden-Württemberg wurde jeweils ein Fall übermittelt.

Angaben zum Infektionsland lagen für 15 Erkrankungen vor. Die Infektion wurde nach diesen Angaben überwiegend (14 von 15 Nennungen, 93%)

Tab. 6.44.1: Übermittelte Röteln-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	113	55%	68	41%
klinisch-epidemiologisch (B)	6	3%	2	1%
klinisch-labordiagnostisch (C)	34	16%	19	12%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	32	15%	34	21%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	22	11%	42	25%
alle	207	100%	165	100%
Referenzdefinition (B+C)	40	19%	21	13%

in Deutschland erworben. Als weiterer Infektionsort wurde bei einer Röteln-Erkrankung die Schweiz angegeben. Alle Röteln-Erkrankungen wurden demnach in Europa erworben.

Demografische Verteilung

Röteln-Erkrankungen können in jedem Alter auftreten. Für die Altersgruppe der 0- bis 9-Jährigen wurden 3 Röteln-Erkrankungen und in der Altersgruppe der 10- bis 19-Jährigen 3 Röteln-Erkrankungen übermittelt. Der überwiegende Anteil, nämlich 15 Röteln-Erkrankungen, wurden für die Altersgruppe erfasst, die zum Zeitpunkt der Diagnose 20 Jahre oder älter war.

Im Jahr 2015 war die Anzahl der Röteln-Erkrankungen bei Mädchen bzw. Frauen etwas höher ($n=12$) als bei Jungen bzw. Männern ($n=9$). Sechs der weiblichen Erkrankten waren zwischen 20 und 49 Jahre alt.

Klinische Aspekte

Für 20 an Röteln erkrankte Personen lagen eine oder mehrere Angaben zu den aufgetretenen Symptomen vor. Davon wurde bei 18 Patienten ein Exanthem angegeben, Lymphknotenschwellungen wurden bei 14 Röteln-Erkrankungen angegeben. Für insgesamt 5 von 20 Röteln-Erkrankungen wurden Arthralgien bzw. Arthritiden (Gelenkschmerzen und Gelenkentzündungen) übermittelt. Komplikationen, wie Enzephalitiden, wurden nicht beschrieben. Ebenso wurde im Jahr 2015 über keine rötelnassoziierten Todesfälle oder Fehl- oder Frühgeburten im Rahmen einer Infektion während einer Schwangerschaft berichtet. 5 Fälle waren im Rahmen der Erkrankung hospitalisiert, davon waren 4 Fälle über 20 Jahre alt.

Impfstatus

Ein zuverlässiger Impfschutz wird mit 2 Dosen eines rötelnhaltigen Impfstoffes (Kombinationsimpfstoff gegen Masern, Mumps und Röteln) erreicht. Bereits nach der ersten Impfung entwickeln über 95% der Geimpften eine Immunität gegen Röteln. Um einen möglichst frühen und zuverlässigen Impfschutz zu erreichen, empfiehlt die STIKO die 1. (Mumps-Masern)-Röteln-Impfung im Alter von 11 bis 14 Monaten und eine zweite Impfung im Alter von 15 bis 23 Monaten mit einem Mindestabstand von 4 Wochen zur Erstimpfung. Alle Kinder sollten vor ihrem 2. Ge-

burtstag somit 2-mal geimpft worden sein. Ferner empfiehlt die STIKO, dass alle Frauen im gebärfähigen Alter insgesamt 2-mal gegen Röteln geimpft sein sollten, um vor einer Röteln-Infektion während der Schwangerschaft geschützt zu sein. Nur dokumentierte Impfungen (z. B. Eintrag im Impfpass) sind bewertbar. Die Annahme einer Immunität aufgrund von anamnestischen Angaben ist zu unsicher.

Von den 21 übermittelten an den Röteln Erkrankten wurden 3 als geimpft und 14 als ungeimpft übermittelt; bei 4 Erkrankten war der Impfstatus unbekannt (s. Abb. 6.44.1). Bei 2 der 3 geimpften Fälle lagen ausreichende Angaben zur weiteren Bewertung des Impfstatus vor. Ein Fall wurde einmalig, lange Zeit vor Beginn der Erkrankung geimpft. Diese unvollständige Impfung erzeugte keine ausreichende Immunität, um eine Röteln-Erkrankung zu verhindern. Bei einem weiteren Fall stand eine zweite Impfung in einem unmittelbaren zeitlichen Zusammenhang zu einer positiven IgM-Serologie, so dass hier höchstwahrscheinlich die Impfung zu spät verabreicht worden war. Um Röteln-Erkrankungen, insbesondere trotz Impfung, sicher feststellen zu können, sollte eine akute klinische Erkrankung mit einer Symptomatik nach Falldefinition bei allen geimpften Patienten immer labordiagnostisch gesichert werden. Es ist jedoch hierbei zu bedenken, dass nach Impfung ein positives IgM noch über Jahre persistieren kann.

Ausbrüche

Es wurde ein Ausbruch mit 2 Fällen übermittelt. Der Ausbruch ereignete sich in Schleswig-Holstein. Ein Kind war nicht geimpft und beim anderen Kind wurde der Impfstatus nicht erhoben. In beiden Fällen wurden die Röteln nicht labordiagnostisch bestätigt.

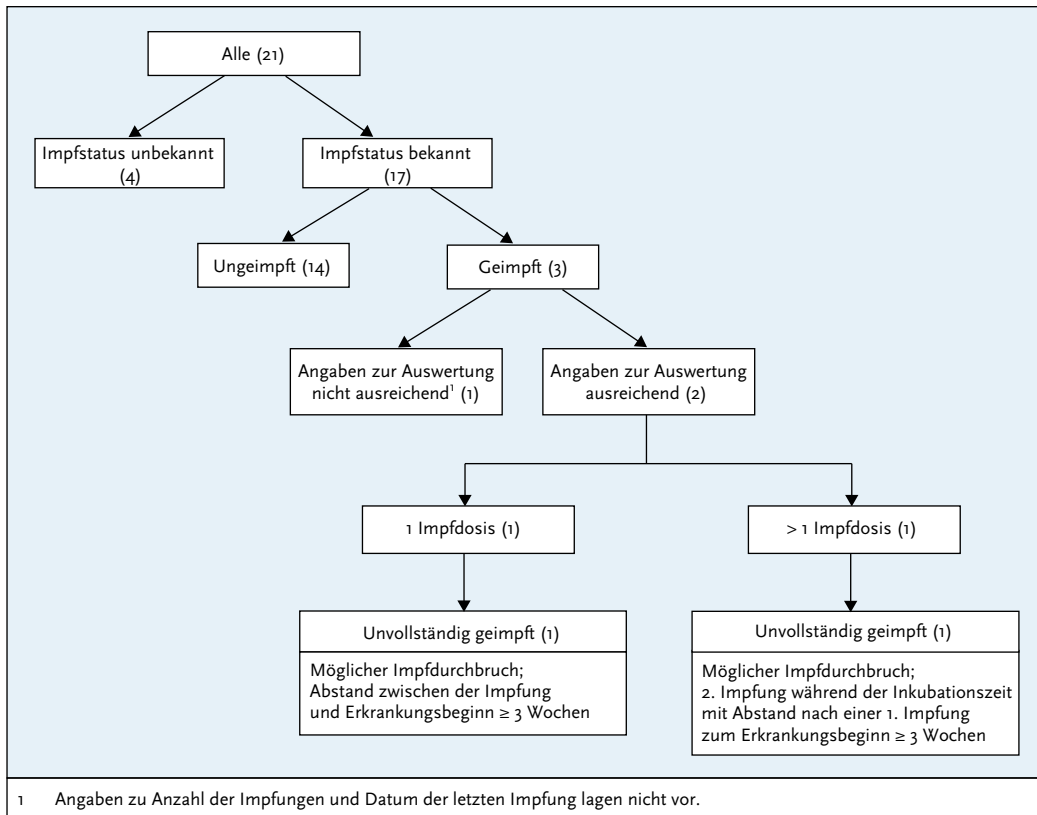
Alle anderen Röteln-Erkrankungen werden somit als sporadisch eingeschätzt, bei denen die Herkunft der Infektion nicht ermittelt werden konnte.

Eine Genotypisierung lag lediglich bei einem einzigen Fall aus Nordrhein-Westfalen vor (Genotyp 2C).

Datenqualität

Die Röteln weisen ein sehr unspezifisches Krankheitsbild auf, viele Rötelninfektionen verlaufen

Abb. 6.44.1:
Übermittelte Röteln-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2015 (n=21)



subklinisch. Einige andere Viruserkrankungen können zudem eine ähnliche Symptomatik hervorrufen. Aufgrund dieser Tatsachen ist zu erwarten, dass Infektionsketten nicht immer sicher nachverfolgt werden können und besonders viele sporadische Fälle ermittelt werden. Die Diagnosestellung lediglich aufgrund der klinischen Symptomatik ist äußerst vage. Dies trifft besonders zu, wenn nur noch wenige Röteln-Fälle in Deutschland auftreten. Eine labordiagnostische Abklärung sollte bei Verdacht auf eine akute Röteln-Infektion immer erfolgen. Dies erleichtert auch die weitere Vorgehensweise zum Schutz der Umgebung (insbesondere schwangerer Frauen).

Leider wurde nur ein kleiner Teil der dem RKI übermittelten Röteln-Erkrankungen labordiagnos-

tisch gesichert. So gingen am RKI 68 Röteln-Fälle ein, die allein klinisch bestätigt (Falldefinitions-kategorie A) waren, bei denen also eine Labordiagnostik unterblieb. Diese Fälle werden für diese Analyse nicht berücksichtigt, weil sie nicht der Referenzdefinition entsprechen, sie bilden jedoch einen hohen Anteil aller an das RKI übermittelten Fälle (68 von 165; 41%) und müssen an die WHO übermittelt werden. Zur Absicherung sollte zudem bei allen sporadischen Fällen eine PCR-Untersuchung erfolgen. Eine Genotypisierung erfolgte lediglich bei einem einzigen Röteln-Fall. Erkenntnisse aus Genotypisierungen sind sehr hilfreich, um Infektionsketten zu verfolgen und letztendlich die Elimination der Röteln in Deutschland belegen zu können. Das Nationale Referenzzentrum für

Masern, Mumps, Röteln (NRZ) führt kostenfrei PCR-Untersuchungen und nachfolgende Genotypisierungen durch.

Auch wenn die Serologie positiv ist, muss andererseits nach Falldefinition auch eine typische klinische Symptomatik vorliegen, um eine akute Erkrankung so sicher wie möglich zu belegen. Bei 46 % der übermittelten Fälle war dies nicht der Fall. Der hohe Anteil von Fällen der Kategorie D ist möglicherweise der unspezifischen Klinik der Röteln geschuldet. Ein durch ein Labor übermittelter positiver Befund sollte – zur weiteren Sicherung der Diagnose einer akuten Röteln-Infektion – eine Rücksprache seitens der Gesundheitsämter bei den einsendenden Ärzten nach sich ziehen.

Fazit

Mit den übermittelten Daten von 2015 ist Deutschland in der Lage, der WHO Daten zur Einschätzung und Verifizierung der Elimination der Röteln vorzulegen. Diese Daten entsprechen jedoch nicht den Qualitätskriterien der WHO. Auch wenn die beschriebene Inzidenz unter 1 Fall pro 1 Mio. Einwohner liegt, kann mit diesen Daten in Deutschland die Elimination der Röteln nicht verifiziert werden. Wegen des oft fehlenden oder unspezifischen Krankheitsbildes der Röteln reichen die Meldedaten des Surveillancesystems nicht aus, um sicher belegen zu können, dass nur noch wenige Fälle in Deutschland auftreten, wie viele importiert wurden und welche Transmissionsketten beobachtet werden konnten.

So gehen in die Berechnungen der WHO auch klinische Fälle ein, die einen großen Anteil der Röteln-Fälle in Deutschland ausmachen, von denen jedoch höchst fraglich ist, ob wirklich in allen Fällen eine akute Röteln-Infektion vorlag. Klinische Verdachtsfälle sollten immer labordiagnostisch mit einer Serologie und PCR, möglichst mit nachfolgender Genotypisierung, bestätigt werden. Eine Nachverfolgung von Transmissionsketten von höchstwahrscheinlich importierten Rötelnviren ist derzeit wegen seltener Genotypisierungen schwierig.

Letztendlich ist das Ziel, konnatale Röteln in Deutschland zu verhindern. Je sensitiver das Surveillancesystem ist, desto schneller kann eine Übertragung auf schwangere Frauen im Falle des Vorliegens der Röteln verhindert werden. Ein Nachweis Röteln-spezifischer IgM-Antikörper in der Schwangerschaft bedarf vor therapeutischen Entscheidungen immer einer Überprüfung des Befundes durch eine Feindiagnostik (z. B. Immunoblot, IgG-Avidität, direkter Erregernachweis).

Konnatale Röteln

Situation in Deutschland

Für das Jahr 2015 wurde dem RKI keine konnatale Rötelninfektion übermittelt. Auch im Jahr 2014 war keine konnatale Röteln-Infektion bekannt geworden. In den Jahren 2001 bis 2003, 2006, 2008 sowie 2012 und 2013 wurde jährlich jeweils ein Fall übermittelt. 2004 wurden 3 Fälle erfasst, 2009 waren es 2 Fälle. Die WHO gibt als Ziel vor, dass landesweit keine konnatalen Röteln-Fälle mehr auftreten sollen. Diesem Ziel ist Deutschland bereits sehr nahe gekommen.

Literaturhinweise

- Matysiak-Klose D: *Hot Spot: Epidemiologie der Masern und Röteln in Deutschland und Europa*. Bundesgesundheitsbl-Gesundheitsforsch-Gesundheitsschutz 2013; 56: 1231–1237.
- Pfaff G: *Die Eliminierung von Masern und Röteln aus Deutschland*. Bundesgesundheitsbl-Gesundheitsforsch-Gesundheitsschutz 2013; 56:1222–1224.
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland*, 2014. Epid Bull 2016; 16:129–134.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut/Stand: August 2015*. Epid Bull 2015; 34:327–362.
- RKI: *Konstituierung der Nationalen Verifizierungskommission Masern/Röteln beim Robert Koch-Institut*. Epid Bull 2013; 7:55–57.
- RKI: *Begründungen zu den aktualisierten Empfehlungen vom Juli 2010: Impfung gegen Röteln*. Epid Bull 2010; 32:322–325.

6.45 Salmonellose

Kurzbeschreibung

Salmonellosen sind durch Bakterien der Gattung *Salmonella* verursachte Erkrankungen. Beim Krankheitsbild steht Durchfall im Vordergrund. Daneben sind Bauchschmerzen, Übelkeit, Erbrechen und Fieber möglich. Die Symptome dauern in der Regel nur wenige Stunden oder Tage an, führen bei einem Teil der Betroffenen aber auch zu mehrtägigen Krankenhausaufenthalten.

Enteritis-Salmonellen kommen weltweit u. a. in Geflügel, Schweinen, Rindern, aber auch Reptilien vor. Sie werden meist durch den Verzehr kontaminierter Lebensmittel auf den Menschen übertragen. Typhus und Paratyphus, verursacht durch die beiden Salmonellen-Serovare *S. Typhi* und *S. Paratyphi*, unterscheiden sich im Krankheitsbild deutlich von den übrigen Salmonellosen und werden in eigenen Kapiteln (s. Kap. 6.53 und 6.39) behandelt. Eine Ausnahme bildet das enterische Pathovar von *S. Paratyphi* B (Tartrat positiv, SopE negativ, avrA positiv, vormalis *S. Java*), das unter den Salmonellosen zu übermitteln ist.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.45.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden insgesamt 13.823 Salmonellosen übermittelt, die der Referenzdefinition ent-

sprechen. Die Salmonellose war damit auch in diesem Jahr nach der *Campylobacter*-Enteritis die zweithäufigste an das RKI übermittelte bakterielle Krankheit. Gegenüber dem Vorjahr, in dem insgesamt 16.236 Salmonellosen übermittelt wurden, gingen die Erkrankungszahlen um 15% zurück. Damit nahm die Zahl der Salmonellosen seit 2001 (77.005), abgesehen von einem leichten Zuwachs in den Jahren 2006 und 2007, kontinuierlich ab. Dementsprechend war die bundesweite Inzidenz übermittelter Salmonellosen im Jahr 2015 mit 17 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner die niedrigste seit Einführung des IfSG (2001: 93; Median für die Jahre 2010 bis 2014: 26). Wie in den Vorjahren wurden die meisten Salmonellosen (4.865; 35%) im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.45.1).

Geografische Verteilung

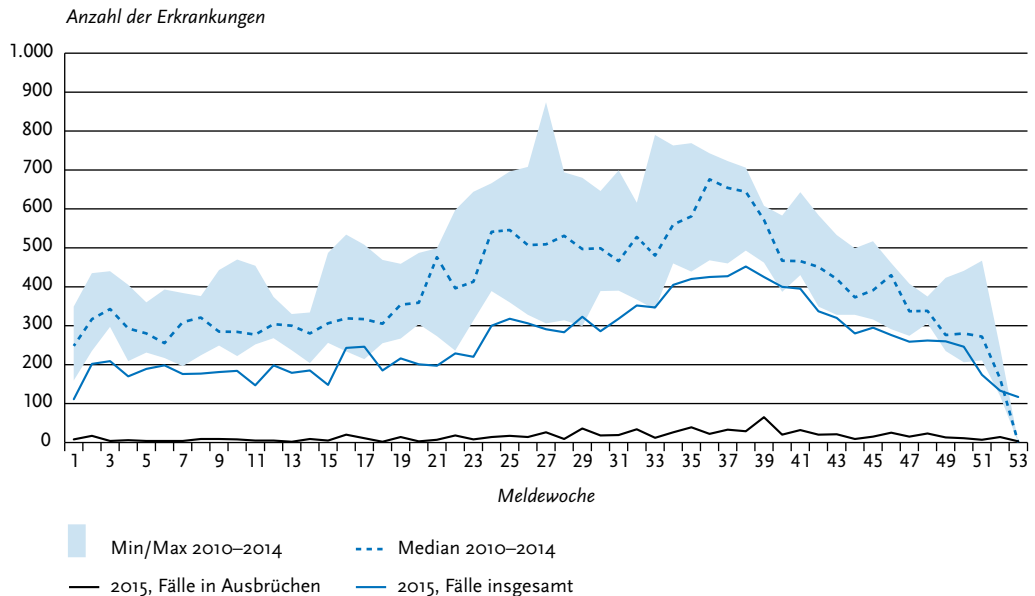
Der Rückgang der Salmonellosen war bundesweit zu beobachten. In allen Bundesländern lag die Inzidenz unter dem jeweiligen Median der 5 Vorjahre (s. Abb. 6.45.2). Ein besonders starker Rückgang war in Sachsen-Anhalt (47%), Thüringen (44%) und Sachsen (43%) zu verzeichnen. In den ostdeutschen Flächenbundesländern sowie in Rheinland-Pfalz lag die Inzidenz im Jahr 2015 über der bundesweiten Inzidenz.

Bei 9.457 (68%) Salmonellosen wurde mindestens ein Infektionsland angegeben; 7.511 (79%) Nennungen entfielen auf Deutschland. Die übrigen verteilten sich vor allem auf typische Urlaubsländer wie die Türkei (412; 4,3%), Ägypten (192; 2,0%), Spanien (154; 1,6%), Thailand (127; 1,3%) und 114 weitere Länder bzw. Subkontinente (1.058; 11%).

Tab. 6.45.1:
Übermittelte Salmonellen-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	223	1%	154	1%
klinisch-labordiagnostisch (C)	16.013	89%	13.669	87%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	683	4%	526	3%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.150	6%	1.306	8%
alle	18.069	100%	15.655	100%
Referenzdefinition (B+C)	16.236	90%	13.823	88%

Abb. 6.45.1:
Übermittelte Salmonellosen nach Meldewoche, Deutschland, 2015 (n=13.823) im Vergleich mit den Vorjahren
 (mit zusätzlicher Darstellung der Erkrankungen in Ausbrüchen)



Demografische Verteilung

Wie in den Vorjahren zeigten sich die höchsten altersspezifischen Inzidenzen bei Kindern im Alter unter 10 Jahren mit einem Maximum bei Kleinkindern (s. Abb. 6.45.3). Beide Geschlechter waren nahezu gleichermaßen betroffen.

Nachgewiesene Erreger

Eindeutige Angaben zum Serovar wurden für 71 % (2014: 77 %) der übermittelten Erkrankungen erhoben. Bei 42 % der Nennungen handelte es sich um *S. Typhimurium* und bei 38 % um *S. Enteritidis*. In weitem Abstand folgten *S. Infantis* (2,5 %), monophasische *S. Typhimurium*, für die es in der Vergangenheit lange keine eigene Serovarkategorie gab (1,4 %), und *S. Derby* (1,3 %). Alle anderen übermittelten Serovare machten zusammen 15 % aus. Gegenüber dem Vorjahr nahm die Anzahl der übermittelten *S. Enteritidis*-Erkrankungen um 7 % ab (von 4.413 auf 4.098); *S. Typhimurium*-Erkrankungen gingen um 22 % (von 4.805 auf 3.752) zurück.

Klinische Aspekte

Es wurden 16 bestätigte Todesfälle im Zusammenhang mit Salmonellosen als »krankheitsbedingt verstorben« übermittelt (2014: 17). Darunter waren 10 Männer und 6 Frauen im Alter zwischen 43 und 90 Jahren (Median insgesamt: 72,5 Jahre). Bei 13 Fällen wurde ein Serovar genannt: 8 Todesfälle traten im Zusammenhang mit Infektionen mit *S. Typhimurium* auf (62 %), 4 mit *S. Enteritidis* (31 %) und ein Fall mit *S. Infantis* (8 %). Drei Todesfälle wurden ohne genaue Angaben zum Serovar übermittelt: bei 2 Todesfällen war ein Serovar der Gruppe C1 angegeben, bei einem Fall war als Serovar »andere/sonstige« angegeben.

Ausbrüche

Es wurden 258 Ausbrüche mit insgesamt 828 Erkrankungen (6 % aller Salmonellosen, Vorjahr: 8 %) übermittelt (s. Tab. 6.45.2), davon 224 Ausbrüche mit weniger als 5 Erkrankungen und 34 Ausbrüche mit 5 oder mehr Erkrankungen. Im Vergleich zum Vorjahr wurden somit 16 % weniger

Abb. 6.45.2:
Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=13.816) im Vergleich mit den Vorjahren

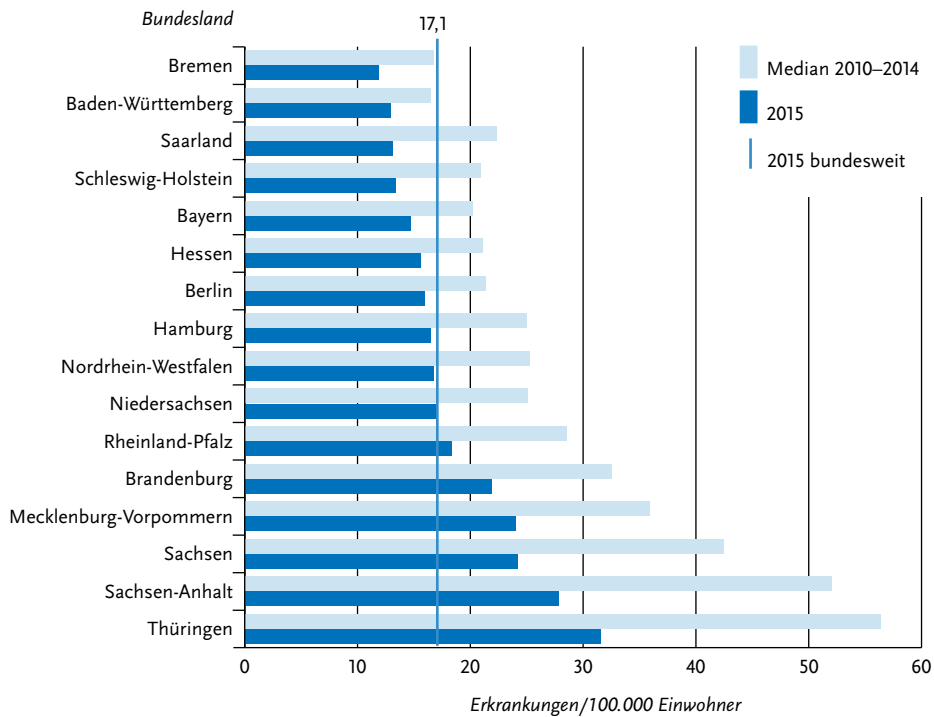
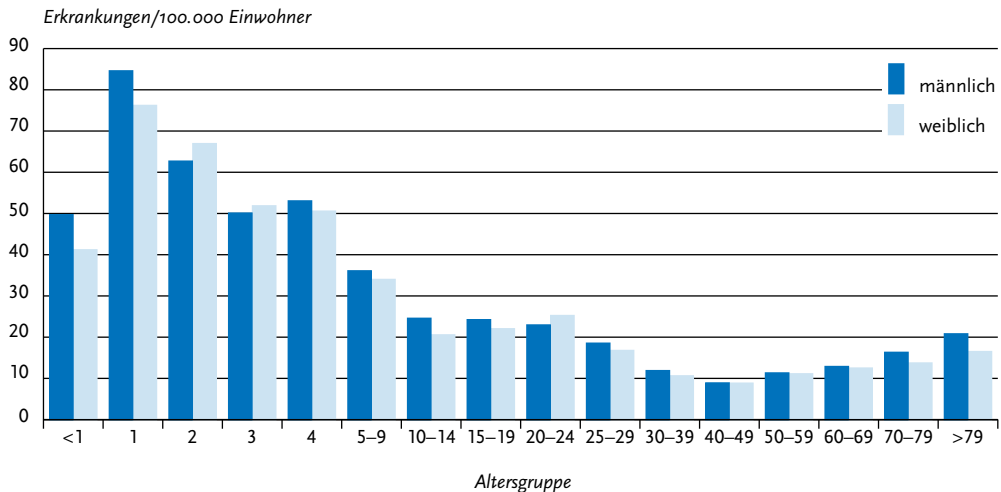


Abb. 6.45.3:
Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=13.793)



Tab. 6.45.2:
Übermittelte Ausbrüche von Salmonellosen, Deutschland, 2014 und 2015

	2014		2015	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	260	627	224	528
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	47	669	34	300
Alle Ausbrüche	307	1.296	258	828

Ausbrüche übermittelt, die 36 % weniger Fälle umfassten.

Der größte Ausbruch wurde durch *S. Enteritidis* verursacht. Er umfasste 34 Fälle und ereignete sich in Rheinland-Pfalz. Als verdächtige Lebensmittelvehikel wurden Backwaren mit Buttercrème-Füllung identifiziert, die über ein Café vertrieben wurden. Ein *S.*-Enteritidis-Ausbruch mit 26 Fällen wurde aus Hessen übermittelt. Hier wurde Kartoffelsalat als Infektionsvehikel verdächtig.

Fazit

Die Epidemiologie der Salmonellose ist seit Jahren von einer deutlichen Abnahme der Fallzahlen geprägt, die primär, aber nicht ausschließlich, durch einen Rückgang der Fallzahlen für *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* gekennzeichnet ist. Damit einhergehend ist auch ein Rückgang der Salmonellose-Ausbrüche zu beobachten.

Literaturhinweise

- Schroeder S, Harries M, Prager R, et al.: *A prolonged outbreak of Salmonella Infantis associated with pork products in central Germany, April–October 2013*. *Epidemiol Infect* 2015; 144: 1429–1439.
- Alt K, Simon S, Helmeke C, et al.: *Outbreak of uncommon o4 non-agglutinating Salmonella Typhimurium linked to minced pork, Saxony-Anhalt, Germany, January to April 2013*. *PLoS One* 2015; 10:e0128349.
- Byrne L, Fisher I, Peters T, et al.: *A multi-country outbreak of Salmonella Newport gastroenteritis in Europe associated with watermelon from Brazil, confirmed by whole genome sequencing: October 2011 to January 2012*. *Euro Surveill* 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20866

Kinross P, an Alphen L, Martinez Urtaza J, et al.: *Multidisciplinary investigation of a multicountry outbreak of Salmonella Stanley infections associated with turkey meat in the European Union, August 2011 to January 2013*. *Euro Surveill* 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20801

Bayer C, Bernard H, Prager R, et al.: *An outbreak of Salmonella Newport associated with mung bean sprouts in Germany and the Netherlands, October to November 2011*. *Euro Surveill* 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20665

Peets M, Rabsch W, Plenz B, et al.: *Evidence for the transmission of Salmonella from reptiles to children in Germany, July 2010 to October 2011*. *Euro Surveill* 2013. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20634

6.46 Shigellose

Kurzbeschreibung

Die Shigellose ist eine weltweit verbreitete Durchfallerkrankung, die durch Bakterien der Gattung *Shigella* ausgelöst wird und mit wässrigen bis blutigen Durchfällen, Bauchkrämpfen und Fieber einhergeht. Es werden 4 Spezies mit unterschiedlicher geografischer Verteilung und Virulenz unterschieden. In Entwicklungsländern kommen hauptsächlich *S. flexneri*, *S. dysenteriae* und *S. boydii* vor. In Mitteleuropa dominiert *S. sonnei*.

Die Übertragung erfolgt hauptsächlich über Kontakt von Mensch zu Mensch, aber auch über verunreinigtes Trinkwasser und verunreinigte Lebensmittel. Auch sexuelle Übertragungen über oro-anaale Kontakte sind möglich.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.46.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden insgesamt 570 Shigellosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Die Anzahl der Shigellosen ist damit im Vergleich zu 2014 (552 Erkrankungen) um 3 % gestiegen. Die höchsten

Fallzahlen sind in den Monaten Juli und September bis November aufgetreten (s. Abb. 6.46.1).

Geografische Verteilung

Die Shigellose-Inzidenz betrug in Deutschland 0,7 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2014: 0,7) und entsprach damit dem Median der Vorjahre 2010 bis 2014. Die Inzidenz war 2015 in Hamburg, Berlin, Sachsen, Bayern und Hessen höher als der bundesweite Median 2015 (s. Abb. 6.46.2). Wie in

Tab. 6.46.1:
Übermittelte Shigellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	41	7%	16	2%
klinisch-labordiagnostisch (C)	511	84%	554	82%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	22	4%	35	5%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	35	6%	69	10%
alle	609	100%	674	100%
Referenzdefinition (B+C)	552	91%	570	85%

Abb. 6.46.1:
Übermittelte Shigellosen nach Meldewoche, Deutschland, 2015 (n=570) im Vergleich mit den Vorjahren

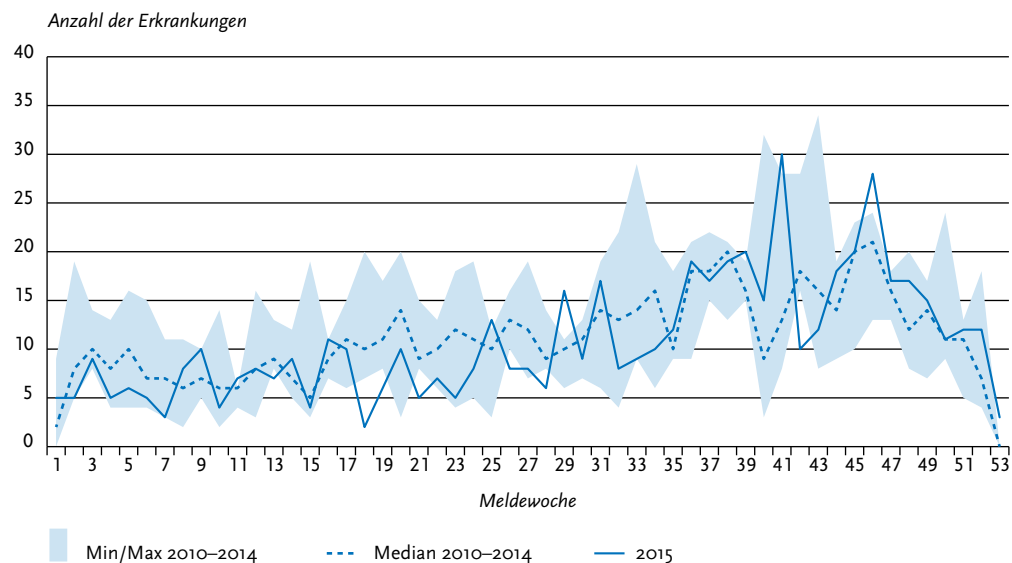
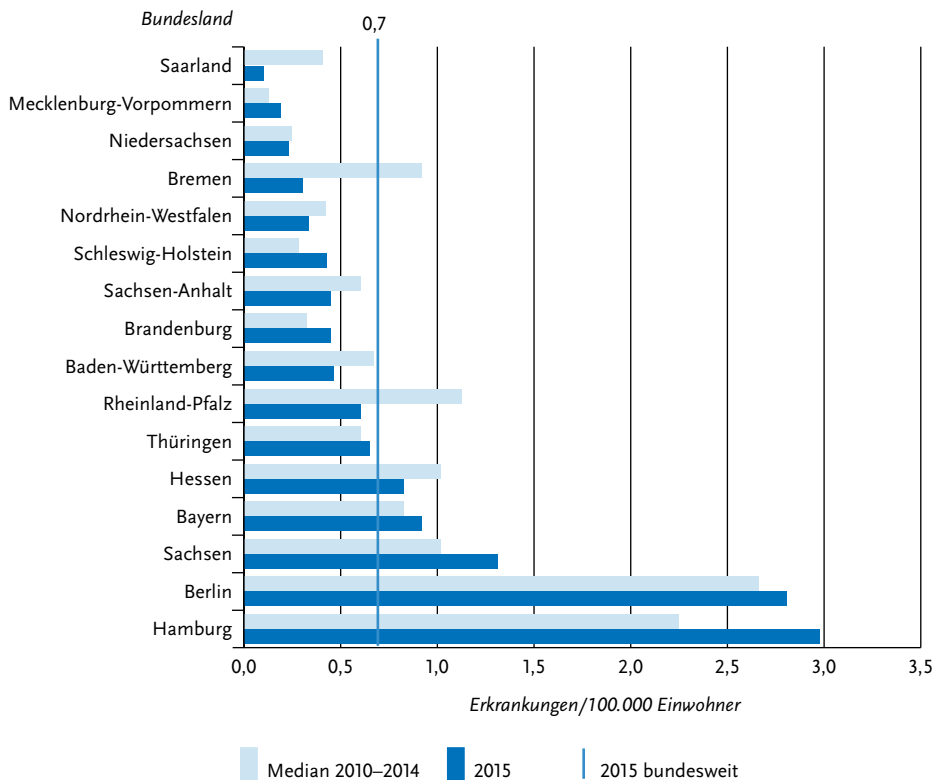


Abb. 6.46.2:
Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=570) im Vergleich mit den Vorjahren



den Vorjahren wurden in Hamburg und Berlin vergleichsweise hohe Inzidenzen (3,0 bzw. 2,8) registriert.

Bei 445 (78 %) Fällen lagen insgesamt 455 Angaben zu Infektionsländern vor (Mehrfachnennungen waren möglich). Mit 43 % der Nennungen wurde Deutschland am häufigsten als Infektionsland angegeben. Die am häufigsten genannten anderen Infektionsländer waren Ägypten (9 %), Indien (6 %) und Marokko (4 %) (s. Tab. 6.46.2).

Demografische Verteilung

Die Altersverteilung der Shigellosen zeigte 2 Gipfel bei Kindern und jungen Erwachsenen. Bei den Kindern im Alter unter 5 Jahren lag die altersspezifische Inzidenz bei 1,2 Erkr./100.000 Einw. und war damit deutlich höher als im Vorjahr (0,6). Bei

Erwachsenen im Alter von 25 bis 39 Jahren zeigte sie die höchsten Werte (1,3 Erkr./100.000 Einw.).

Insgesamt waren mehr männliche (61 %) als weibliche Personen (39 %) betroffen. Wie in den Vorjahren war die Inzidenz in der Altersgruppe der 30- bis 49-Jährigen bei Männern deutlich höher (1,5 Erkr./100.000 Einw.) als bei Frauen (0,6).

Nachgewiesene Erreger

Bei 497 (87 %) übermittelten Shigellosen sind Angaben zur Spezies übermittelt worden. Bei 73 % handelte es sich um Infektionen mit *S. sonnei*, es folgten Infektionen mit *S. flexneri* (21 %), *S. boydii* (4 %) und *S. dysenteriae* (2 %). Gegenüber dem Vorjahr hat der Anteil der Infektionen mit *S. sonnei* leicht abgenommen (2014: 76 %), während der Anteil der Infektionen mit *S. flexneri* (2014: 18 %)

Tab. 6.46.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Shigellosen, Deutschland, 2015 (Mehrfachnennungen möglich, 445 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	194	43 %
Ägypten	40	9 %
Indien	29	6 %
Marokko	17	4 %
Dominikanische Republik	11	2 %
Spanien	10	2 %
Türkei	9	2 %
Indonesien	9	2 %
Äthiopien	8	2 %
Mexiko	6	1 %
Andere	122	27 %
Summe	455	100 %

und *S. dysenteriae* (2014: 1 %) leicht zugenommen hat. Der Anteil mit *S. boydii*-Infektionen blieb gleich.

Klinische Aspekte

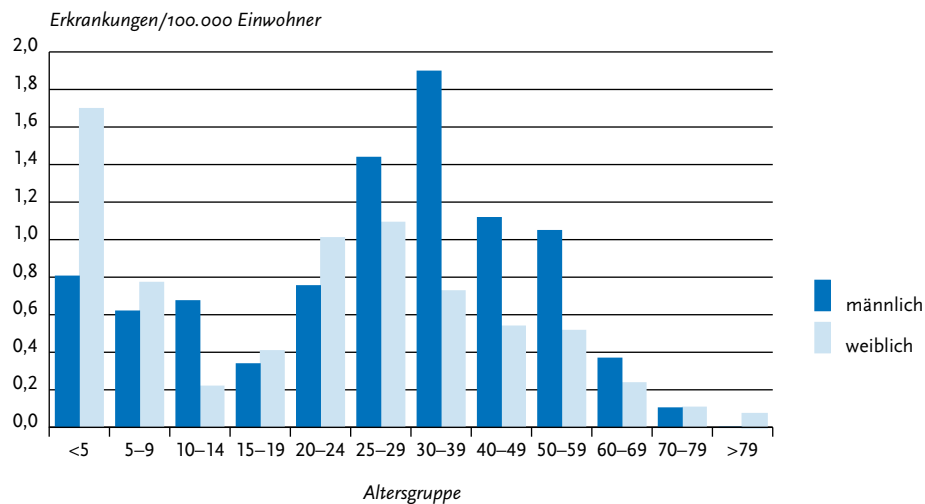
Für 566 Shigellosen wurde mindestens ein Symptom übermittelt. Unter den insgesamt 1.240 Angaben war Durchfall am häufigsten (553; 45%), gefolgt von Bauchschmerzen (338; 27%), Fieber (231; 19%), Erbrechen (87; 7%) und anderen Symptomen (31; 3%).

Im Jahr 2015 wurde kein Shigellose-Fall als krankheitsbedingt verstorben übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 19 Ausbrüche mit insgesamt 49 Erkrankungen übermittelt. Im Vergleich zum Vorjahr hat sowohl die Anzahl der Ausbrüche (2014: 21) als auch die Anzahl der davon betroffenen Erkrankungen (2014: 85) abgenommen. Ein Shigellose-Ausbruch mit 7 Fällen wurde aus Bayern übermittelt. Er ereignete sich in einem Privathaushalt. Die übrigen 18 Ausbrüche enthielten jeweils weniger als 5 Erkrankungen.

Abb. 6.46.3:
Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=569)



Datenqualität

Durch die Meldepflicht werden nur Shigellosen erfasst, die in Deutschland diagnostiziert wurden. Entsprechend werden Infektionen, die von Reisenden aus Deutschland im Ausland erworben und dort noch vor der Rückkehr erfolgreich behandelt wurden, in der Regel nicht berücksichtigt.

Literaturhinweis

Njamkepo E, Fawal N, Tran-Dien A, et al.: *Global phylogeography and evolutionary history of Shigella dysenteriae type 1*. Nature Microbiology 2016; 1:16027.
 RKI: *Reiseassoziierte Infektionskrankheiten 2013*. Epid Bull 2014; 42:407–415.

6.47 Syphilis**Kurzbeschreibung**

Die Syphilis ist eine bakterielle, durch die Spirochätenart *Treponema pallidum* verursachte Erkrankung, die nur beim Menschen vorkommt und sexuell, durch Blut und intrauterin von der Mutter auf das Kind übertragbar ist. Sie verläuft typischerweise in drei Stadien: ein so genannter Primäraffekt (ein meist schmerzloses Geschwür an der Eintrittsstelle) bildet sich wenige Tage bis Wochen nach der Infektion, im Sekundärstadium macht sich die Erkrankung durch Allgemeinsymptome und Hauterscheinungen bemerkbar und im Tertiärstadium (Jahre nach der Erstinfektion) kann es zur Schädigung des Gehirns und der Blutgefäße kommen.

Symptomfreie Phasen werden als Latenz bezeichnet. In Abhängigkeit von der seit der Infektion vergangenen Zeitspanne wird zwischen Früh- (bis etwa ein Jahr nach der Infektion) und Spätlatenz unterschieden. Infektiös sind Personen im Primär- und Sekundärstadium sowie während der Frühlatenz. Die Infektion kann durch Antibiotika geheilt werden; wiederholte Infektionen sind möglich.

Fallkriterien

Gemäß § 7 Abs. 3 IfSG werden Nachweise von *Treponema pallidum* direkt an das RKI gemeldet. Die eingegangenen Meldungen werden nach bestimm-

ten Fallkriterien bewertet. Dabei werden folgende Fälle ausgeschlossen: Serumnarben (mit zum Teil noch hohen Resttitern), vermutete Doppelmeldungen und vermutete Fälle von nicht ausreichend therapierter Syphilis (*Syphilis non satis curata*).

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf gemeldete Syphilis-Fälle, die die Fallkriterien erfüllen. Davon waren, wie schon im Vorjahr, 75 % der Fälle klinisch-labordiagnostisch bestätigt; für die restlichen 25 % lagen keine Angaben des Labors oder des behandelnden Arztes zur klinischen Symptomatik bzw. zum Infektionsstadium vor, oder die Angaben erfüllten nicht das klinische Bild.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden dem RKI 6.834 Syphilis-Fälle gemeldet, die die Fallkriterien des RKI erfüllten, 1.108 (19 %) mehr als im Vorjahr. Damit setzt sich der seit 2010 beobachtbare Anstieg der Fallzahlen weiter fort (s. Abb. 6.47.1).

Geografische Verteilung

Bundesweit lag die Syphilis-Inzidenz im Jahr 2015 mit 8,5 Fällen pro 100.000 Einwohner deutlich über dem Median der 5 Vorjahre (5,5 Erkr./100.000 Einw.). Der Anstieg war in allen Bundesländern mehr oder weniger stark ausgeprägt. Die mit Abstand höchsten Inzidenzen wurden in den Stadtstaaten Berlin (39) und Hamburg (21) registriert. Leicht höher als im Bundesdurchschnitt lag die Inzidenz auch in Bremen (8,8) und Sachsen (8,6). Am niedrigsten war die Inzidenz in Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern und Thüringen mit maximal 3,7 Fällen/100.000 Einw. (s. Abb. 6.47.2).

Vergleichsweise hohe Inzidenzen von über 20 Fällen pro 100.000 Einw. waren außer in Berlin und Hamburg noch in den Städten Köln (36), München (30), Frankfurt (30), Trier (27), Düsseldorf (27), Leipzig (24) und Stuttgart (20) zu verzeichnen (s. Abb. 6.47.3).

Für 5.116 (75 %) Fälle wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Die meisten Nennungen (4.780; 93 %) entfielen auf Deutschland. Die am häufigsten genannten weiteren Infektionsländer waren Spanien (48 Nennungen), Thailand (27), Rumänien (24), Brasilien (19), Türkei (18), Russische Föderation (13), Polen (13), die Niederlande (11) sowie Tschechien, Großbritannien, Italien und die Vereinigten Staaten von Amerika (je 10).

Abb. 6.47.1:
Gemeldete Syphilis-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015

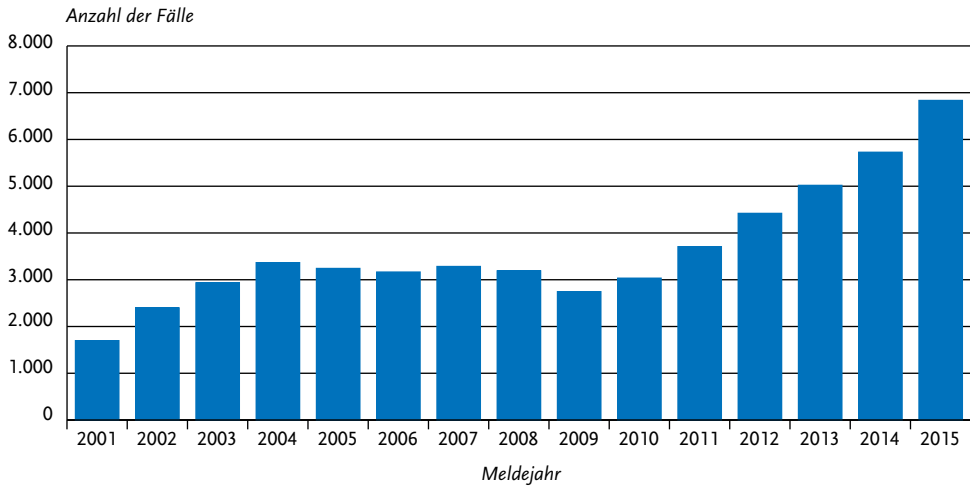


Abb. 6.47.2:
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=6.834) im Vergleich mit den Vorjahren

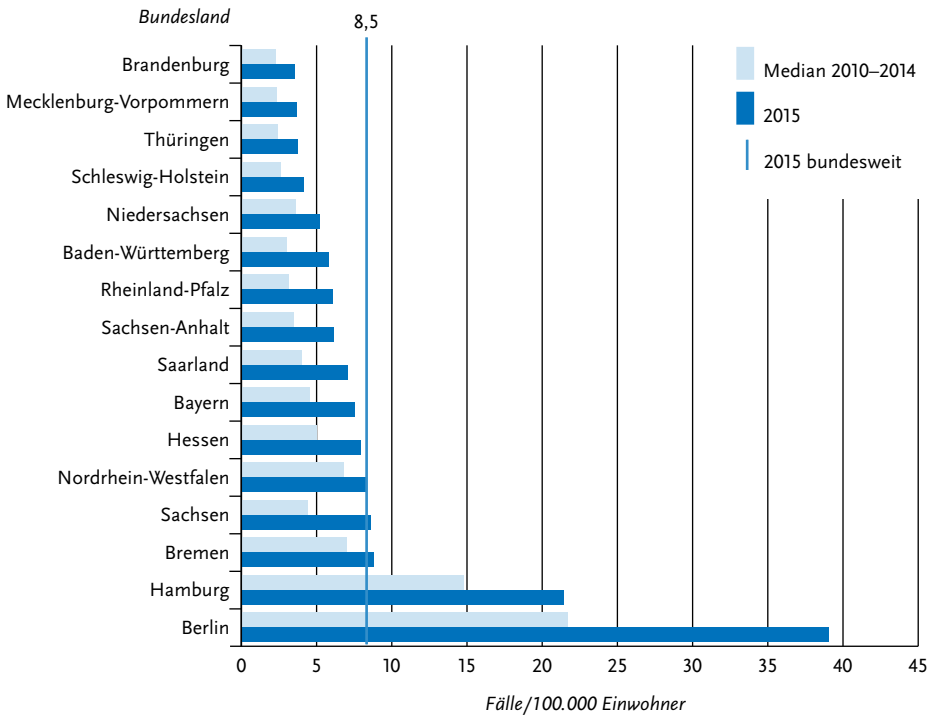
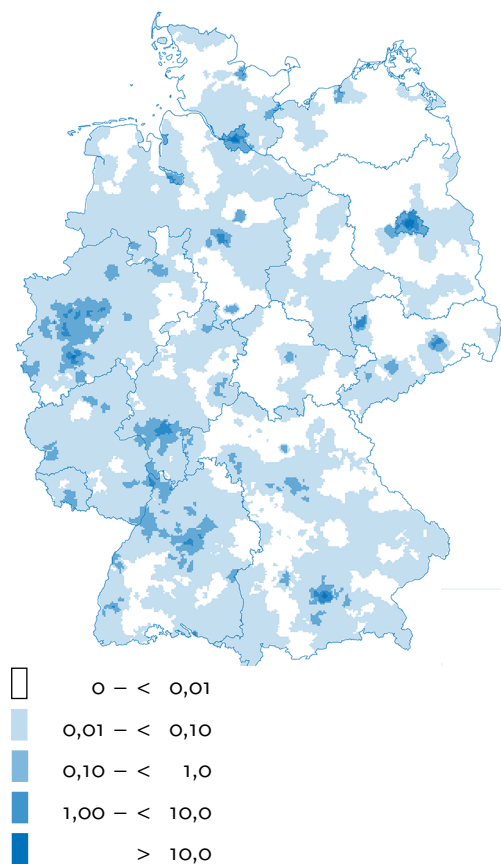


Abb. 6.47.3:
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Postleitzibereich (geglättet), Deutschland, 2015 (n=6.834)



Die meisten in Westeuropa, Süd- und Südostasien sowie in Nord- und Latein-Amerika erworbenen Infektionen mit Angabe zum wahrscheinlichen Transmissionsweg waren auf sexuelle Kontakte zwischen Männern zurückzuführen (64 % bis 83 %). Ein heterosexuelles Übertragungsrisiko überwog unter Fällen, für die als wahrscheinliches Infektionsland ein Land in Zentral- (56 %) bzw. Osteuropa (60 %) angegeben war.

Demografische Verteilung

Der Anteil der Frauen unter den Syphilis-Fällen lag bei 6 % und war somit im Vergleich zum Vorjahr stabil. Die Zahl der weiblichen Syphilis-Fälle nahm gegenüber dem Vorjahr deutlich zu (+16 %), der

Anstieg der männlichen Fälle war noch ausgeprägter (+20 %). Mit 16 Fällen/100.000 Einw. lag die Inzidenz bei Männern um ein Vielfaches höher als bei Frauen (1,0 Fällen/100.000 Einw.). Die höchste Inzidenz (35) wiesen Männer in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen auf; die Altersgruppen der 25- bis 29-Jährigen (33) und der 40- bis 49-Jährigen (30) waren ähnlich stark betroffen. Bei Frauen wies die Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen die höchste Inzidenz (3,0) auf, gefolgt von den Altersgruppen der 20- bis 24-Jährigen (2,9) und der 30- bis 39-Jährigen (2,5) (s. Abb. 6.47.4).

Klinische Aspekte

Bei 75 % der Meldungen lagen Angaben des Labors oder des behandelnden Arztes zur klinischen Symptomatik bzw. zum Infektionsstadium vor. Bei den Meldungen mit klinischen Angaben handelte es sich bei 36 % der Diagnosen um ein Primärstadium, bei 27 % um ein Sekundärstadium und bei 35 % um eine Infektion im Stadium der Früh- oder Spätlatenz (Vergleichswerte 2014: 35 %, 28 % und 34 %).

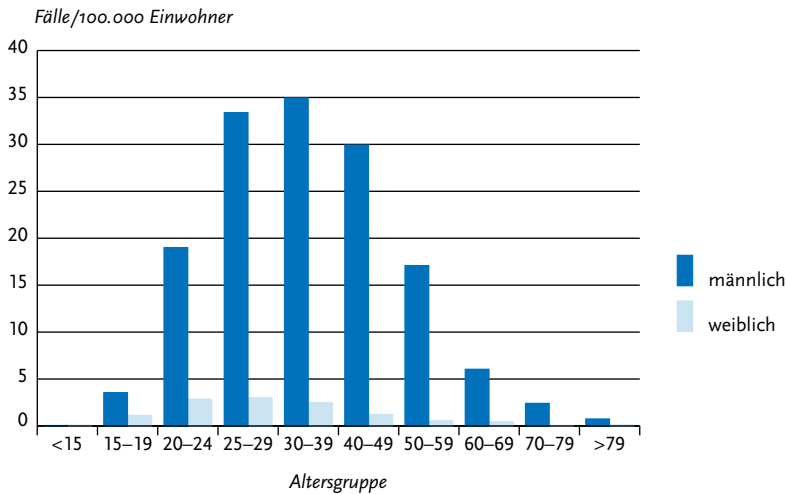
Infektionsrisiken

Angaben zum Infektionsrisiko lagen für 75 % der Meldungen vor. Bei diesen Meldungen betrug der Anteil der Fälle, die vermutlich über sexuelle Kontakte zwischen Männern (MSM) übertragen wurden, 85 %, ein leichter Anstieg im Vergleich zu den Vorjahren. Der Anteil der wahrscheinlich heterosexuell erworbenen Infektionen lag bei 15 % und damit leicht unter dem entsprechenden Anteil der Vorjahre.

Bei MSM stieg die Anzahl der Meldungen gegenüber 2014 in 12 Bundesländern deutlich an. Besonders starke Anstiege waren in Berlin (von 812 auf 1.064), Hessen (198 auf 300) und Nordrhein-Westfalen (726 auf 927) zu verzeichnen. Hohe Inzidenzen von über 20 Fällen/100.000 Einw., die insbesondere auf Meldungen von MSM zurückzuführen waren, gab es in den Berliner Innenstadtbezirken sowie in den Städten Köln, Hamburg, München, Frankfurt, Düsseldorf und Leipzig. Im Vergleich zum Vorjahr stieg die Anzahl der Meldungen, bei denen Prostitutionskontakte als Infektionsquelle angegeben wurden (146), um 25 % an, die Zahl der Diagnosen bei Sexarbeitern (93) um 24 %.

Die Zahl der bei Neugeborenen bzw. Kindern diagnostizierten Fälle von konnataler Syphilis lag

Abb. 6.47.4:
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=6.820)



in den Jahren 2001 bis 2004 gleichbleibend bei 7 Fällen pro Jahr. In den Jahren 2005 bis 2013 wurden jeweils zwischen 1 und 5 Fälle konnataler Syphilis bei Neugeborenen gemeldet. Im Jahr 2014 gab es keine entsprechende Meldung, 2015 wurden 3 Fälle konnataler Syphilis gemeldet.

Datenqualität

Die Gesamtzahl der eingegangenen Meldungen inklusive der Meldungen, die nicht den Fallkriterien entsprachen, stieg von 7.462 im Jahr 2014 auf 8.717 im Jahr 2015 an. Das Verhältnis von Erstmeldungen zu Doppelmeldungen blieb dabei seit dem Jahr 2013 annähernd stabil (2014: 3,3; 2015: 3,6).

Bei den nicht den Fallkriterien entsprechenden Syphilis-Meldungen handelte es sich um eine Mischung aus Serumnarben (mit zum Teil noch hohen Resttitern), vermuteten Doppelmeldungen und vermuteten Fällen von nicht ausreichend therapierter Syphilis (*Syphilis non satis curata*). Die entsprechende Entscheidung und Zuordnung war angesichts des Fehlens einer eindeutigen fallbezogenen Kodierung schwierig und musste auf Grundlage einer Gesamtschau aller auf den Meldebögen verfügbaren Informationen getroffen werden. Vor allem in Großstädten boten Geburtsmonat und -jahr sowie die ersten 3 Ziffern der Postleitzahl nicht immer ausreichende Differen-

zierungsmöglichkeiten, um potenzielle Mehrfachmeldungen zu erkennen, insbesondere, da Untersuchungen derselben Person bei verschiedenen Ärzten und Laboren durchgeführt worden sein könnten oder sich der Wohnsitz des Patienten geändert haben könnte.

Fazit

Der in den letzten Jahren beobachtete Anstieg von Syphilis-Fällen in Deutschland verstärkte sich im Jahr 2015. Ein Anstieg wurde aus den meisten Bundesländern berichtet, allerdings in unterschiedlichem Ausmaß. Insbesondere städtische Ballungszentren wiesen hohe Inzidenzen auf, auch hier zum Teil mit deutlichen Anstiegen gegenüber dem Vorjahr, wie etwa in Frankfurt/Main, Stuttgart, Hannover oder in den Berliner Innenstadtbezirken. Diese Anstiege waren im Jahr 2015 fast ausschließlich auf Infektionen bei MSM zurückzuführen, deren Anteil an den Meldungen damit auch insgesamt im Vergleich zu den Vorjahren anstieg. Der annähernd gleichbleibende Anteil gemeldeter Infektionen in frühen Stadien der Syphilis spricht nicht dafür, dass der beobachtete Anstieg von Syphilis-Fällen in höherem Maß auf ein umfangreicheres Screening, etwa für MSM, oder etwa auf einen breiteren Einsatz von Syphilis-Schnelltests zurückzuführen ist.

Die aktuelle epidemiologische Lage der Syphilis in Deutschland ähnelt der Situation anderer westeuropäischer Staaten. Auch hier kam es zu andauernden Anstiegen von Syphilis-Fällen in den letzten Jahren mit MSM als Hauptbetroffenengruppe.

Das Syphilis-Screening im Rahmen der Schwangerschafts-Vorsorgeuntersuchungen ist in Deutschland von hoher Wirksamkeit zur Vermeidung konnataler Syphilis-Fälle: im Jahr 2015 wurden nur drei solcher Fälle gemeldet. Gerade deshalb sollte sichergestellt werden, dass der Syphilis-Test schwangeren Frauen unabhängig von ihrem Krankenversicherungsstatus angeboten wird.

Der anhaltende Anstieg der gemeldeten Syphilis-Infektionen zeigt, wie wichtig eine frühzeitige Diagnose und Behandlung von Syphilis-Infektionen ist. Das Bewusstsein für Syphilis sollte daher sowohl beim ärztlichen Personal als auch bei den betroffenen Gruppen gestärkt werden. Gerade in den großstädtischen Ballungszentren sollten die zumeist bereits gut etablierten Präventions-, Diagnostik- und Behandlungsangebote insbesondere für MSM aufrechterhalten und ggf. weiter ausgebaut werden. Zur Sicherstellung einer hohen Inanspruchnahme sollten diese möglichst niedrigschwellig sein und eine gute Überführung in die Behandlung sicherstellen. Laut Leitlinien der Gesellschaft zur Förderung der sexuellen Gesundheit (Deutsche STI-Gesellschaft) sollten MSM in Abhängigkeit von der Anzahl der Sexualpartner ein regelmäßiges Screening auf Syphilis, aber auch andere STI wie Chlamydien, Gonorrhö, Hepatitis C und HIV alle 3–12 Monate angeboten werden.

Literaturhinweise

- Deutsche STI-Gesellschaft (2014): *AWMF-Leitlinie zur Diagnostik und Therapie der Syphilis. Aktualisierung und Aufwertung zu S2k*. www.awmf.org/leitlinien/detail/ll/059-002.html.
- Deutsche STI-Gesellschaft (2013): *STI/STD: Beratung, Diagnostik und Therapie*. http://dstig.de/images/Literatur/dstig_sti-beratung_diagnostik_therapie_1.aufgabe_3.2013.pdf
- ECDC: *Sexually transmitted infections in Europe, 2013*. [www.ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/sexually-transmitted-infections-europe-surveillance-report-2012.pdf](http://ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/sexually-transmitted-infections-europe-surveillance-report-2012.pdf)
- Jansen K, Thamm M, Bock C-T, et al.: *High Prevalence and High Incidence of Coinfection with Hepatitis B, Hepatitis C, and Syphilis and Low Rate of Effective Vaccination against Hepatitis B in HIV-Positive Men Who Have Sex*

with Men with Known Date of HIV Seroconversion in Germany. *PLoS One* 2015; 10(11):e0142515.

RKI: *Weiterer starker Anstieg der Syphilis bei MSM in Deutschland im Jahr 2014*. *Epid Bull* 2015; 49:515–527.

6.48 Tollwut

Kurzbeschreibung

Die Tollwut wird durch das Rabiesvirus Genus *Lysavirus* hervorgerufen, welches typischerweise durch den Speichel infizierter Tiere übertragen wird. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt dabei durch einen Biss oder durch Verunreinigung von Wunden oder Hautabschürfungen. Tollwut kann – auch noch nach der Übertragung – durch Impfung verhindert werden, verläuft aber in der Regel tödlich, sobald typische Krankheitszeichen (Lähmungen oder Krämpfe, Lichtscheu und Abneigung gegen Wasser) aufgetreten sind.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2015 wurde dem RKI keine Erkrankung an Tollwut übermittelt.

Insgesamt sind in Deutschland seit dem Jahr 2001 6 Tollwut-Erkrankungen übermittelt worden. Zuletzt verstarb im Jahr 2007 ein 55-jähriger Mann an Tollwut, nachdem er von einem streunenden Hund in Marokko gebissen worden war. Im Jahr 2005 wurden insgesamt 4 miteinander in Zusammenhang stehende Erkrankungen an Tollwut übermittelt: Betroffen waren eine 26-jährige Frau, die sich in Indien aufgehalten hatte und nach deren Hirntod Organe zur Transplantation entnommen worden waren, da zu diesem Zeitpunkt noch kein Anhalt für eine Tollwut-Erkrankung vorgelegen hatte, sowie 3 ihrer Organempfänger. Im Jahr 2004 erkrankte und verstarb ein 51-jähriger Mann, der sich mit hoher Wahrscheinlichkeit in Indien angesteckt hatte.

Literaturhinweise

- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut/Stand: August 2015*. *Epid Bull* 2015; 34:327–362.

RKI: *Tollwut in Deutschland: Gelöstes Problem oder versteckte Gefahr?* Epid Bull 2011; 8:57–61.

RKI: *Zur diagnostischen Sicherung von Tollwuterkrankungen beim Menschen.* Epid Bull 2005; 13:114–115.

6.49 Toxoplasmose, konnatale Infektion

Kurzbeschreibung

Die Toxoplasmose wird durch den Parasiten *Toxoplasma gondii* hervorgerufen. Die Übertragung kann durch ungenügend gegartes kontaminiertes Fleisch oder den Umgang mit infizierten Katzen erfolgen. Bei gesunden Erwachsenen verläuft die Infektion in der Regel ohne Symptome, jedoch kann eine erstmalige Infektion in der Schwangerschaft zu schweren Schädigungen (z. B. der Augen oder des Gehirns) beim Ungeborenen führen, die zum Teil erst nach Jahren in Erscheinung treten.

Alle Fälle, für die ein Erregernachweis oder ein Nachweis spezifischer IgM- bzw. IgA-Antikörper vorliegt, werden – soweit es sich um Neugeborene oder Säuglinge handelte – als konnatale Toxoplasmose gewertet. Für eine konnatale Infektion sprechen auch die mittels vergleichendem Immunoblot (parallele Testung von mütterlichem und kindlichem Serum) nachgewiesenen IgG-Antikör-

per des Neugeborenen oder die Persistenz oder Konzentrationserhöhung von IgG-Serumantikörpern im postnatalen Verlauf.

Situation in Deutschland

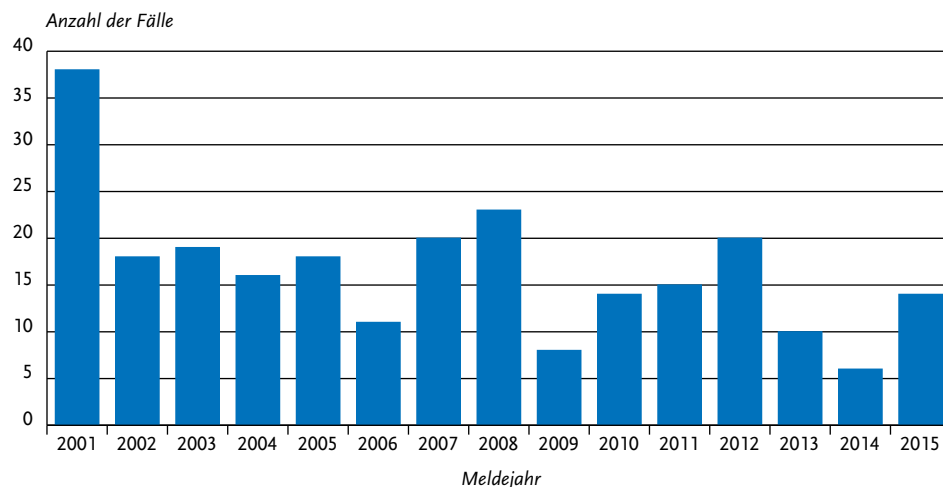
Für das Jahr 2015 wurden dem RKI 14 Fälle von konnataler Toxoplasmose gemeldet (s. Abb. 6.49.1). Die Meldungen kamen aus 6 Bundesländern und betrafen 12 Jungen und 2 Mädchen. Sechs Fälle wurden aus Nordrhein-Westfalen gemeldet, 3 aus Sachsen, 2 aus Niedersachsen und je einer aus Baden-Württemberg, Bayern und Hessen. Für 5 Fälle wurde das Infektionsland bzw. der Infektionskontinent angegeben. Vier Mal wurde Deutschland genannt und einmal Afrika.

Bei der Bewertung der gemeldeten Angaben ist zu berücksichtigen, dass mögliche später auftretende Symptome bei bekannten Fällen über die Meldungen gemäß § 7 Abs. 3 IfSG nicht erfasst werden können, da diese nichtnamentlich an das RKI erfolgen.

Literaturhinweis

Wilking H, Thamm M, Stark K, et al.: *Prevalence, incidence estimations, and risk factors of Toxoplasma gondii infection in Germany: a representative, cross-sectional, serological study.* Sci Rep 2016; 6:22551.

Abb. 6.49.1: Gemeldete Toxoplasmose-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015



6.50 Trichinellose

Kurzbeschreibung

Die Trichinellose (oder Trichinose) wird durch einen Nematoden (Fadenwurm) der Spezies *Trichinella* hervorgerufen. Der Mensch infiziert sich durch den Verzehr von nicht ausreichend durcherhitztem, kontaminiertem Fleisch, insbesondere vom Wildschwein oder Schwein. Die aufgenommenen Larven werden im Darm freigesetzt und wandern bevorzugt in Muskelzellen, wo sie sich verkapseln. Das kann zunächst mit Bauchbeschwerden, später mit Muskelschmerzen und Schwellungen im Augenbereich einhergehen. Aufgrund der weitverbreiteten modernen Haltungsformen in der Schweinemast und der im Rahmen der amtlichen Fleischuntersuchung durchgeführten Trichinenuntersuchungen tritt die Erkrankung in Deutschland selten auf.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2015 wurden dem RKI 8 Trichinellosen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Abb. 6.50.1). Betroffen waren Angehörige einer Familie im Alter von 19 bis 72 Jahre (4 Frauen und 4 Männer). Die Erkrankungen traten im Zusammenhang mit dem Verzehr von einer in Serbien

hergestellten und privat nach Deutschland importierten Paprikawurst auf. Eine in Serbien durchgeführte aktive Fallsuche führte dort zur Identifikation weiterer Erkrankter.

Literaturhinweise

Faber M, Schink S, Mayer-Scholl A, et. al.: *Outbreak of trichinellosis due to wild boar meat and evaluation of the effectiveness of post exposure prophylaxis, Germany, 2013*. Clin Infect Dis 2015; 60: e98–e104.

RKI: *Reiseassoziierte Infektionskrankheiten 2013*. Epid Bull 2014; 42:407–415.

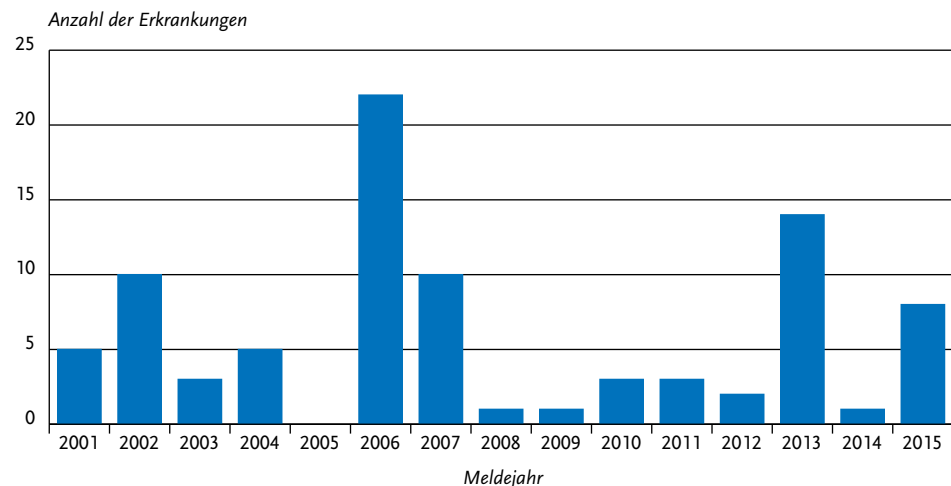
RKI: *Trichinellose – eine Übersicht*. Epid Bull 2007; 21:177.

6.51 Tuberkulose

Kurzbeschreibung

Als Tuberkulose werden Erkrankungen bezeichnet, die durch Erreger des *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplexes hervorgerufen werden. Im *M.-tuberculosis*-Komplex werden *M. tuberculosis*, *M. africanum*, *M. bovis*, *M. microti*, *M. canetti* u. a. zusammengefasst. Die Übertragung der Erreger erfolgt in der Regel aerogen von Mensch zu

Abb. 6.50.1: Übermittelte Trichinellose-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015



Mensch. Aus diesem Grund ist die frühzeitige Diagnose der Tuberkulose, im Idealfall bevor sich eine offene Lungentuberkulose (infektiöse Form) entwickelt, sowie die rasch eingeleitete und konsequent über mindestens 6 Monate durchgeführte Kombinationstherapie zur Unterbrechung von Infektionsketten von besonderer Bedeutung.

Unbehandelt ist die Krankheit durch einen langen, schweren Verlauf gekennzeichnet, der initial häufig mit unspezifischen Symptomen wie Appetitverlust (Gewichtsabnahme), subfebrilen Temperaturen, Nachtschweiß und Husten einhergeht. In Abhängigkeit von den betroffenen Organen ist eine vielfältige Symptomatik möglich.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.51.1).

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2015 wurden dem RKI 5.865 Tuberkulose-Fälle übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen. Dies entspricht einer Inzidenz von 7,3 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2014: 5,6 Erkr./100.000 Einw.). Damit ist die Zahl der Tuberkulosen gegenüber dem Vorjahr (4.533) um 29 % (1.332 Erkrankungen) deutlich gestiegen (Abb. 6.51.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz war – mit Ausnahme von Mecklenburg-Vorpommern – in allen Bundesländern höher als im Vergleich zum Median der vergangenen 5 Jahre (s. Abb. 6.51.2). Insbesondere in den Stadtstaaten Bremen (11 Erkr./100.000 Einw.), Berlin (11) und Hamburg (11) lag die Inzidenz deutlich über der bundesweiten Inzidenz von 7,3. Auch die Bundesländer Hessen (9,5), Bayern (8,5) sowie Sachsen-Anhalt (8,2) lagen über dem bundesweiten Durchschnitt. Die Länder mit den niedrigsten Inzidenzen waren Schleswig-Holstein (4,1), Mecklenburg-Vorpommern (4,2) und das Saarland (4,9).

Demografische Verteilung

Die Zahl der übermittelten Tuberkulosen bei Kindern im Alter unter 15 Jahren hat sich mit 196 Erkrankungen gegenüber dem Vorjahr (143) erhöht. Jungen erkrankten etwas häufiger als Mädchen (108 vs. 88 Erkrankungen). Die durchschnittliche Inzidenz betrug 1,8 Erkr./100.000 Kinder. Wie in den vergangenen Jahren war die höchste Inzidenz mit 2,2 bei Kleinkindern im Alter unter 5 Jahren zu verzeichnen (75 Erkrankungen). Innerhalb dieser Altersgruppe wurde bei Kindern im Alter von 1 Jahr eine vergleichsweise hohe Inzidenz von 2,9 beobachtet (20 Erkrankungen).

Bei den Erwachsenen finden sich Häufigkeitsgipfel im Alter zwischen 15 und 29 Jahren, wobei die Gesamtinzidenz der Altersgruppe der 20- bis

Tab. 6.51.1: Übermittelte Tuberkulose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	962	21%	1.496	25%
klinisch-epidemiologisch (B)	69	2%	66	1%
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.502	76%	4.303	71%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	36	1%	141	2%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	10	0%	32	1%
alle	4.579	100%	6.038	100%
Referenzdefinition (A+B+C)	4.533	99%	5.865	97%

Abb. 6.51.1:
Übermittelte Tuberkulose-Erkrankungen, Deutschland, 2001 bis 2015

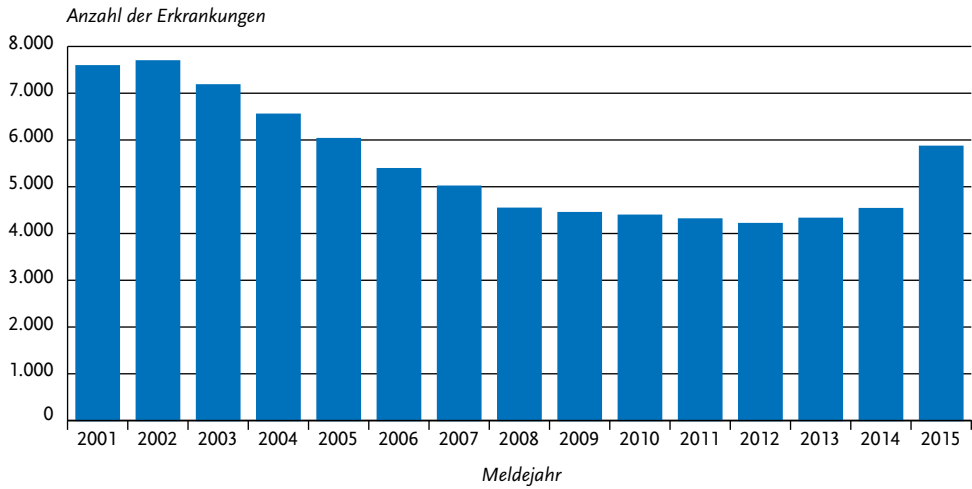
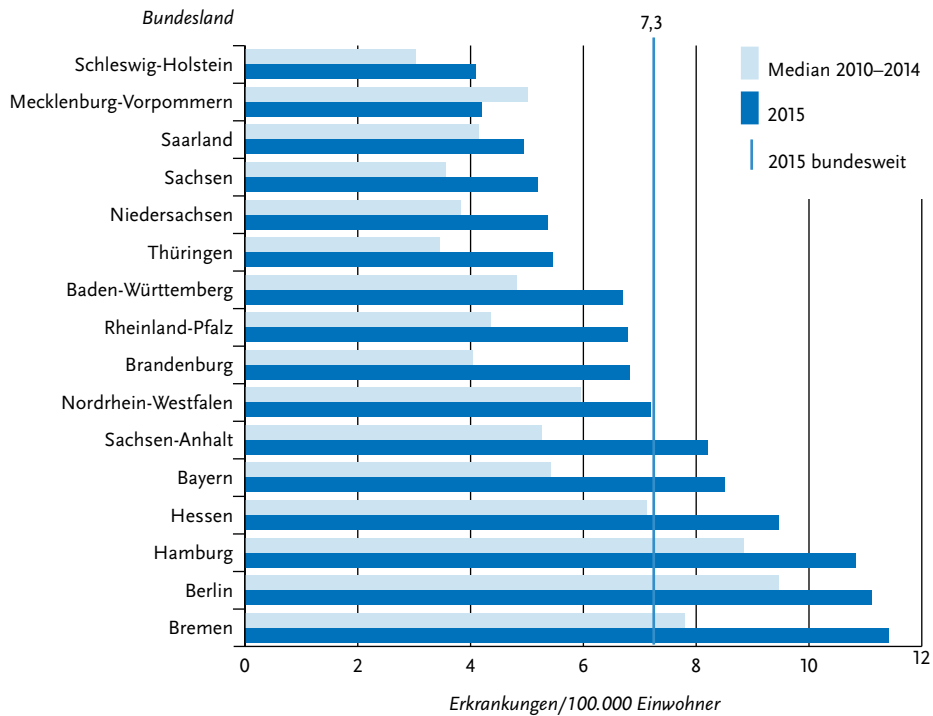


Abb. 6.51.2:
Übermittelte Tuberkulose-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=5.860) im Vergleich mit den Vorjahren



24-Jährigen mit 16 am höchsten ist. Eine erhöhte Inzidenz (> 8) findet sich außerdem bei den über 79-Jährigen. Die Gesamtinzidenz bei männlichen Erkrankten betrug 10 und war damit 2,4-mal so hoch wie bei den weiblichen Erkrankten (4,2). Die deutlich höhere, d. h. über 1,5-fache Erkrankungshäufigkeit bei Jungen und Männern manifestierte sich ab dem 15. Lebensjahr (s. Abb. 6.51.3).

Nachgewiesene Erreger

Eine Differenzierung der verschiedenen Spezies innerhalb des *M. tuberculosis*-Komplexes wurde für insgesamt 3.674 (63 %) der 5.865 Erkrankungsfälle vorgenommen. Von diesen machte *M. tuberculosis* mit 97 % (3.556 Erkrankungen) den Hauptanteil aus. Eine Infektion mit *M. africanum* war in 62 Fällen (1,7 %) angegeben worden; *M. bovis* wurde 54-mal (1,5 %), *M. canetti* wurde 2-mal genannt.

Für 671 Erkrankungen wurde lediglich die Angabe »*M. tuberculosis*-Komplex« ohne weitere Differenzierung übermittelt.

Klinische Aspekte

Mit einem Anteil von 78 % (4.515 von 5.764 Fällen, zu denen entsprechende Angaben vorlagen) trat die Tuberkulose als Lungentuberkulose auf, wäh-

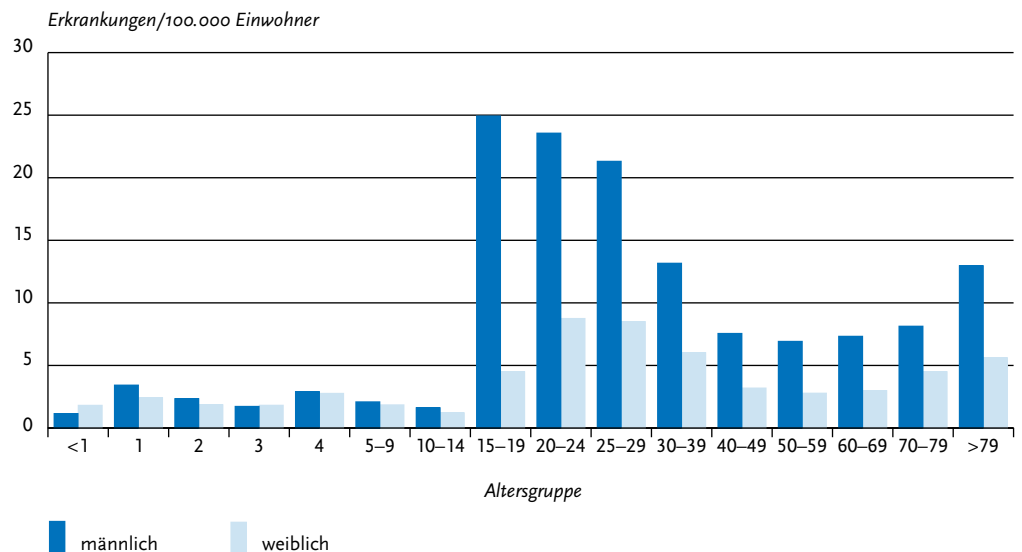
rend sich 22 % der Erkrankungen (1.249 von 5.764) ausschließlich extrapulmonal manifestierten. Dabei waren die Lymphknoten mit insgesamt 12 % der Erkrankungen (673 von 5.764) am häufigsten betroffen: extrathorakale Lymphknoten 8,2 % (474 Fälle); intrathorakale Lymphknoten 3,5 % (199 Fälle). Unter den Lungentuberkulosen betrug der Anteil der offenen Form 76 % (3.429 von 4.515 Fällen). Dabei handelte es sich in 54 % (1.850 von 3.429 Fällen) um die besonders infektiöse, mikroskopisch positive Form. Der Anteil der geschlossenen Form der Lungentuberkulose betrug 24 % (1.086 von 4.515 Fällen).

Ein krankheitsbedingter Tod an Tuberkulose wurde in 105 von 5.660 Fällen mit entsprechender Angabe übermittelt. Dies entsprach einer Letalität von 1,9 %, wobei diese bei den über 79-Jährigen mit 9,5 % (33 Todesfälle) am höchsten war. Bei Kindern und jungen Erwachsenen im Alter unter 25 Jahren wurde ein Todesfall verzeichnet.

Ausbrüche

Für das Jahr 2015 wurden 47 Ausbrüche mit insgesamt 117 Erkrankungen übermittelt. Davon sind für 2 Ausbrüche 6 assoziierte Fälle und für einen Ausbruch 5 assoziierte Fälle übermittelt worden.

Abb. 6.51.3: Übermittelte Tuberkulose-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=5.857)



Bei den restlichen 44 Ausbrüchen (100 Fälle) handelte es sich um Geschehen mit jeweils 2 bis 4 Fällen. Die Anzahl der Ausbrüche, die für das Jahr 2014 übermittelt wurden, wurde von ursprünglich 46 mit insgesamt 118 Erkrankungsfällen (Datenstand: 01.03.2015) auf nunmehr 61 Ausbrüche mit insgesamt 158 Erkrankungsfällen aktualisiert.

Behandlungsergebnis für 2014

Die folgenden Ergebnisse gelten für das Jahr 2014. Entsprechende Daten für 2015 liegen noch nicht vollständig vor und werden erst im nächsten Jahr veröffentlicht (s. Datenqualität).

Von den im Jahr 2014 gemäß Referenzdefinition übermittelten 4.533 Erkrankungen wurden für 3.541 (78 %) Erkrankungen Angaben zum Behandlungsergebnis übermittelt (2013: 89 %; 3.853 von 4.325 Erkrankungen zum aktualisierten Stichtag 01.03.2016). Eine erfolgreiche Behandlung – d. h. eine Heilung bzw. eine vollständig durchgeführte Behandlung über den geplanten Zeitraum – wurde für 2.833 (80 %) Erkrankte übermittelt. Im Vergleich zu 2013 (3.043 Fälle; 79 %) stieg der Anteil der abgeschlossenen Behandlungen nur geringfügig. Damit wird die Zielsetzung der WHO, die einen 85 %igen Behandlungserfolg vorsieht, in Deutschland nicht erreicht. Bei Kindern unter 15 Jahren betrug der Anteil erfolgreicher Behandlungen allerdings 94 % (2013: 147 Fälle; 95 %).

Bei 228 Fällen (6,4 %) dauert die Behandlung noch an, so dass hier noch kein endgültiges Behandlungsergebnis vorliegt. Für weitere 107 Patienten (3,0 %) konnte vom zuständigen Gesundheitsamt das endgültige Behandlungsergebnis nicht ermittelt werden, da diese während der Behandlung ins Ausland oder unbekannt verzogen waren. Bei 122 Fällen (3,4 %), ähnlich wie im Vorjahr (2013: 131 Fälle; 3,4 %), wurde ein Behandlungsabbruch angegeben. Bei 7 Fällen (0,2 %; 2013: 7 Fälle; 0,2 %) wurde ein Versagen der Behandlung übermittelt. Insgesamt 397 (11 %) der Patienten waren vor oder während der Behandlung an Tuberkulose (117 Fälle; 4,3 %) bzw. an anderen Ursachen (280 Fälle; 6,9 %) verstorben. Dies wird gemäß WHO-Kriterien ebenfalls als Versagen der Behandlung gewertet.

Datenqualität

Die vorliegenden Fallzahlen beziehen sich auf den Stichtag vom 01.03.2016. Aufgrund des zeitlichen

Ablaufs bei der Ermittlung von Fällen können im Epidemiologischen Bulletin oder in SurvStat@RKI veröffentlichte Fallzahlen, die auf anderen Stichtagen beruhen, hiervon geringfügig abweichen.

Das Behandlungsergebnis wird nach internationaler Vereinbarung frühestens 12 Monate nach Abschluss des Meldejahres ausgewertet. Aus diesem Grund können die bundesweiten Daten für das Behandlungsergebnis jeweils erst mit einer entsprechenden zeitlichen Verzögerung publiziert werden.

Der Anteil von Fällen, die nicht die Referenzdefinition erfüllen, ist mit 3 % höher im Vergleich zum Vorjahr (1 %). Hier bedarf es nach wie vor einer weiteren Verbesserung der Datenqualität und Vollständigkeit verschiedener Einzelparameter.

Fazit

Nachdem die Fallzahlen in den vergangenen Jahren bereits stagnierten und steigende Tendenzen feststellbar waren, war 2015 ein deutlicher Anstieg bei den Fallzahlen zu beobachten. Die gegenwärtigen Zahlen werden durch demographische Entwicklungen und die aktuellen Migrationsbewegungen beeinflusst.

Aufgrund einer besonderen Anfälligkeit von Kindern, und da Erkrankungen bei Kindern als Indikator für aktuell fortbestehende Infektionsketten gelten, bedarf die Kindertuberkulose stets einer erhöhten Aufmerksamkeit. Auch der hohe Anteil offener, und damit infektiöser Lungentuberkulosen zeigt, dass die Tuberkulose in Deutschland ein relevantes Gesundheitsproblem darstellt.

Sowohl die Datenvollständigkeit zum Behandlungsergebnis als auch die Anzahl erfolgreich behandelter Patienten waren für 2014 geringer als im Vorjahr. Dennoch war der Anteil erfolgreich behandelter Patienten etwas höher als im Vorjahr. Angesichts der großen Bedeutung dieses Indikators sind hier vertiefte Analysen möglicher Einflussfaktoren notwendig sowie entsprechende Anstrengungen, die Behandlung erfolgreich abzuschließen und die entsprechenden Angaben zu vervollständigen.

Um weitere Fortschritte in der Tuberkulosekontrolle zu erreichen, bedarf es einer unverzüglichen Diagnose der Tuberkulose bei erkrankten Personen sowie einer konsequenten Umsetzung der geltenden Empfehlungen zur Umgebungsuntersuchung sowie zur Prävention und Therapie der

Tuberkulose. Wichtig ist es außerdem, dass die Erfahrungen und das Wissen im Umgang mit dieser Krankheit in Fachkreisen erhalten bleiben und durch eine entsprechende Ausbildung in Studium und Beruf gefördert werden.

Literaturhinweise

- WHO: *Global Tuberculosis Report 2015*. www.who.int/tb/publications/global_report/en
- Geltende Empfehlungen zur Tuberkulose in Deutschland*. www.pneumologie.de/dzk/empfehlungen.html
- Fiebig L, Hauer B, Brodhun B, Altmann D, Haas W: *Tuberculosis in Germany: a declining trend coming to an end?* Eur Respir J 2015; 47: 667–670.
- Brodhun B, Altmann D, Hauer B, Fiebig L, Haas W: *Aktuelle Epidemiologie der Tuberkulose in Deutschland*. Pneumologie 2015; 69:263–270.
- ECDC/WHO: *Tuberculosis surveillance and monitoring in Europe 2014*. <http://ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/tuberculosis-surveillance-monitoring-Europe-2014.pdf>
- Schaberg T, Bauer T, Castell S, et al.: *Empfehlungen zur Therapie, Chemoprävention und Chemoprophylaxe der Tuberkulose im Erwachsenen- und Kindesalter*. Pneumologie 2012; 66:133–171.
- Ziegler R, Just HM, Castell S, et al.: *Infektionsprävention bei Tuberkulose – Empfehlungen des DZK*. Gesundheitswesen 2012;74:337–350.
- Diel R, Loytved G, Nienhaus A, et al.: *Neue Empfehlungen für die Umgebungsuntersuchungen bei Tuberkulose*. Gesundheitswesen 2011; 73:369–388.
- RKI: *Welttuberkulose 2016 – Gemeinsam gegen Tuberkulose; Eckdaten zur Tuberkulose in Deutschland für das Jahr 2014; Untersuchung von Asylsuchenden und Flüchtlingen auf Tuberkulose; Mikrobiologische Tuberkulosedagnostik bei Asylsuchenden im Rahmen der Erstuntersuchung; Die Motten; 20 Jahre Welttuberkulose 2016 – (K)ein Grund zum Feiern*. Epid Bull 2016; 10/11:81–91.
- RKI: *Tuberkulose in Deutschland: Ende des rückläufigen Trends?* Epid Bull 2015; 43:461–463.
- RKI: *HIV-Testung bei Tuberkulose-Diagnose: eine Selbstverständlichkeit?* Epid Bull 2014; 48:463–471.
- RKI: *Bericht zur Epidemiologie der Tuberkulose in Deutschland für 2014*. www.rki.de/DE/Content/InfAZ/T/Tuberkulose/Download/TB2014.html
- RKI: *Leitfaden zur Übermittlung von Fallberichten zur Tuberkulose*. http://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/T/Tuberkulose/Download/TB_Leitfaden.html

6.52 Tularämie

Kurzbeschreibung

Die Tularämie, auch Hasenpest genannt, wird durch das Bakterium *Francisella tularensis* hervorgerufen. Die Infektion kann durch Haut- oder Schleimhautkontakt mit infektiösem Tiermaterial (z. B. beim Abhäuten), durch Verzehr von nicht ausreichend erhitztem, kontaminierten Fleisch (Hasen), anderen Lebensmitteln bzw. durch Aufnahme von kontaminiertem Wasser, durch Inhalation von infektiösem Staub (aus Erde, Stroh oder Heu), Kontakt mit kontaminierten blutsaugenden Parasiten (Zecken, Mücken, Fliegen) oder beim Umgang mit den Erregern im Labor erfolgen. Das Krankheitsbild hängt unter anderem von der Eintrittspforte des Erregers ab und kann sehr verschiedenartig sein (z. B. Geschwür an der Eintrittsstelle, vergrößerte Lymphknoten, Lungenentzündung). Ohne antibiotische Behandlung kann die Sterblichkeit über 30 % betragen.

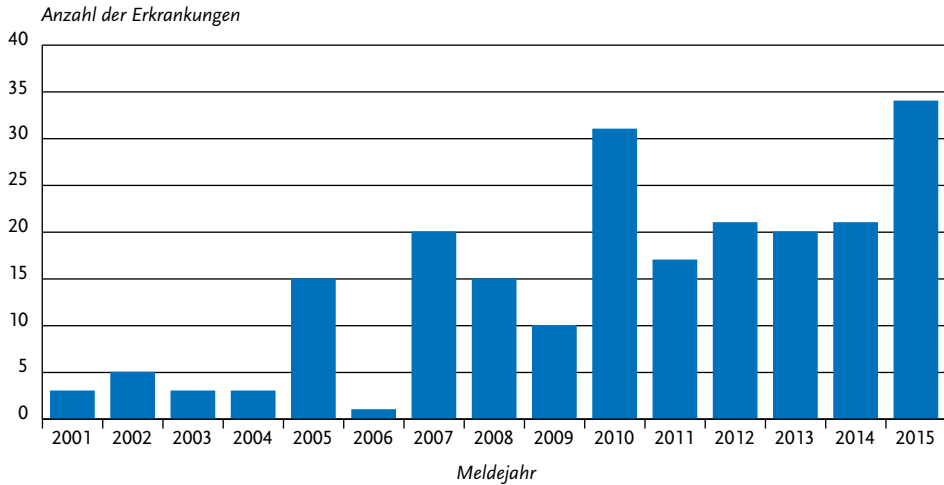
Situation in Deutschland

Im Jahr 2015 wurden 34 Erkrankungen an Tularämie übermittelt (s. Abb. 6.52.1). Die Erkrankten kamen aus 11 Bundesländern (1 bis 9 Fälle je Bundesland). Für 18 Erkrankungen wurde Deutschland als mögliches Infektionsland angegeben, für 2 weitere Erkrankungen Schweden und für je eine weitere Erkrankung Kosovo, Portugal und Afghanistan (weitere Erkrankungen ohne diesbezügliche Angaben). Betroffen waren 18 Personen männlichen und 16 Personen weiblichen Geschlechts verschiedener Altersgruppen. Der jüngste Erkrankte war ein 1-jähriger Junge, die älteste Erkrankte war 84 Jahre alt. Ausbrüche und Todesfälle wurden 2015 nicht übermittelt.

Literaturhinweis

- Kuehn A, Schulze C, Kutzer P, et al.: *Tularaemia seroprevalence of captured and wild animals in Germany: the fox (*Vulpes vulpes*) as a biological indicator*. Epidemiol Infect 2013; 141:833–840.
- RKI: *Tularämie – eine differentialdiagnostische Herausforderung*. Epid Bull 2015; 46:491–492.

Abb. 6.52.1:
Übermittelte Tularämie-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015



6.53 Typhus abdominalis

Kurzbeschreibung

Typhus abdominalis wird durch das Serovar Typhi der Bakterienart *Salmonella enterica* verursacht. Es handelt sich um eine systemische Erkrankung, die mit hohem Fieber, Kopfschmerzen und Benommenheit einhergehen kann. Einziges bekanntes Erregerreservoir ist der Mensch. Die Übertragung erfolgt durch verunreinigte Lebensmittel oder verunreinigtes Wasser. Dagegen ist die direkte fäkal-orale Übertragung von Mensch zu Mensch selten. Ohne antibiotische Behandlung können 2 bis 5 % der Patienten zu Dauerausscheidern werden. Selten kann dies auch nach einer Antibiotikabehandlung vorkommen.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.53.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2015 wurden 68 Erkrankungen entsprechend der Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht in etwa dem Durchschnitt der Anzahl der jährlichen Erkrankungen seit dem Jahr 2001

(s. Abb. 6.53.1). Die Anzahl der monatlich übermittelten Erkrankungen schwankte zwischen 3 und 12. Die höchsten Erkrankungszahlen traten in den Monaten April, September und Oktober auf.

Geografische Verteilung

Die Gesamtinzidenz betrug 0,08 Erkrankungen/100.000 Einwohner. Mit Ausnahme von Saarland wurden aus allen Bundesländern Fälle übermittelt. Die höchsten Inzidenzen wurden in Bremen, Berlin, Hessen, Rheinland-Pfalz und Hamburg registriert. Für 63 übermittelte Erkrankungen (93 %) lagen Angaben zum Infektionsland vor. Dabei entfielen 70 % der Nennungen (n=42) auf Infektionsländer in Asien. Am häufigsten (30 %) wurde Indien als Infektionsland angegeben (19 Erkr.; 2014: 25 Erkr.), gefolgt von Pakistan mit 7 Erkrankungen (11 %). Durch zusätzliche Recherchen konnte für 10 der übermittelten Erkrankungen ermittelt werden, dass sie bei Asylsuchenden diagnostiziert wurden. Von diesen stammten 7 aus Syrien.

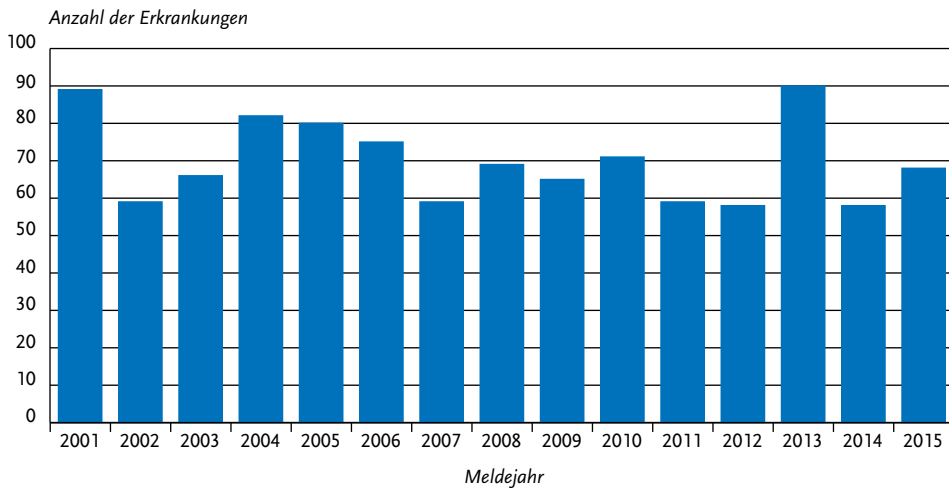
Demografische Verteilung

Angaben zu Alter und Geschlecht waren bei 67 Erkrankungen vorhanden. Die höchsten Inzidenzen wiesen Erwachsene im Alter zwischen 25 und 29 Jahren auf (0,3 Erkr./100.000 Einw.; n=15), gefolgt von Erwachsenen im Alter zwischen 20

Tab. 6.53.1:
Übermittelte Typhus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0%	2	3%
klinisch-laboridiagnostisch (C)	58	97%	66	87%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	2	3%	7	9%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	0	0%	1	1%
alle	60	100%	76	100%
Referenzdefinition (B+C)	58	97%	68	89%

Abb. 6.53.1:
Übermittelte Typhus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015



und 24 (0,2; n=10) sowie 30 und 39 Jahren (0,2; n=17). Es wurden 41 Erkrankungen bei Männern (60%) und 27 bei Frauen (40%) übermittelt.

Klinische Aspekte

Fieber wurde für 67 der 68 Erkrankten angegeben. Im Zusammenhang mit Typhus abdominalis wurde kein Todesfall übermittelt.

Impfstatus

Für 48 Erkrankte lagen Informationen zum Impfstatus vor. Von diesen waren 40 (83%) nicht gegen Typhus geimpft. Unter den 8 als geimpft übermit-

telten Erkrankten waren 4 mit Typhus-Lebendimpfstoff geimpfte Personen, davon war eine Person 2-mal geimpft, 2 waren einmal geimpft und für eine weitere Person war die Anzahl der Impfungen nicht angegeben. Eine Person wurde einmal mit Typhus-Hepatitis-A-Impfstoff geimpft. Für 3 Erkrankungen fehlten Angaben über die Art des Impfstoffs.

Ausbrüche

Im Jahr 2015 wurden 3 Ausbrüche mit jeweils 2 epidemologisch zusammenhängenden Erkrankungen übermittelt. Ein Ausbruch betraf eine Frau

und eine Jugendliche, die sich zur gleichen Zeit in Pakistan aufhielten und auch dort erkrankten. Bei 2 weiteren übermittelten Fällen handelt es sich um Geschwister mit gemeinsamer Exposition ebenfalls in Pakistan. Der dritte Ausbruch betraf einen Erwachsenen und ein Kind nach Aufenthalt in Kolumbien.

Fazit

Bei den in Deutschland übermittelten Typhus-Erkrankungen handelte es sich überwiegend um im Ausland erworbene Infektionen bei Nichtgeimpften. Mindestens 15 % der übermittelten Erkrankungen wurden bei Asylsuchenden diagnostiziert. Dennoch fiel die Gesamtzahl der übermittelten Erkrankungen 2015 nicht überdurchschnittlich hoch aus.

Literaturhinweis

RKI: *Reiseassoziierte Infektionskrankheiten 2013*. Epid Bull 2014; 42:407–415.

6.54 Virale hämorrhagische Fieber

Kurzbeschreibungen

Das **Chikungunyavirus** gehört in die Familie der Togaviren und kommt in zahlreichen afrikanischen Ländern (z. B. Senegal, Gambia, Guinea, Tansania), im Süden und Südosten Asiens (z. B. Philippinen, Malaysia, Thailand, Kambodscha, Myanmar, Sri Lanka, Indien, Indonesien) sowie seit Ende 2013 auch auf einigen karibischen Inseln, und in Mittel- und Südamerika vor. Auch in Südeuropa wurden schon lokal erworbene Infektionen bzw. Ausbrüche beschrieben. Es kann große, z. T. über Jahre anhaltende Epidemien verursachen. Primaten und andere Affen sowie vermutlich Nagetiere bilden das Reservoir. Die Übertragung erfolgt über Stechmücken der Gattung *Aedes*. Nach einer Inkubationszeit von 2 bis 7 Tagen kommt es zu einem plötzlichen schnellen Fieberanstieg sowie Kopf-, Muskel- und Gelenkschmerzen. Die häufig beidseitig auftretenden Gelenksbeschwerden können nach Entfieberung noch Wochen oder Monate lang anhalten. Hämorrhagische Manifes-

tationen in Form von Petechien oder Nasenbluten können sich bei einem Viertel der Patienten einstellen; hämorrhagische Verläufe gemäß WHO-Definition kommen aber eigentlich nicht vor. Die Erkrankung verläuft selten tödlich. Ein Impfstoff ist nicht verfügbar.

Ebola- und **Marburgviren** bilden zusammen die Familie der Filoviren. Ebolaviren kommen in einigen zentral- und westafrikanischen Ländern vor, Marburgviren in Zentralafrika. Sie führen beim Menschen zu schweren fieberhaften Krankheitsverläufen mit Blutungen. In den bisher untersuchten Ausbrüchen lag die Sterblichkeit zwischen 30 und 90 %. Die initiale Infektionsquelle für den Menschen ist immer noch unklar. Wahrscheinlich spielt Kontakt zu infizierten Menschenaffen oder Fledermäusen eine Rolle. Die weitere Übertragung von Mensch zu Mensch erfolgt dann in der Regel durch Kontakt mit erregerehaltigem Blut oder anderen Körperflüssigkeiten.

Das **Gelbfiebervirus** gehört in die Familie der Flaviviren und ist im tropischen Afrika sowie im tropischen Südamerika endemisch verbreitet. Es wird durch Mücken übertragen. Die Krankheit ist durch hohes Fieber, Muskel-, Rücken- und Kopfschmerzen gekennzeichnet. Bei schweren Verläufen kommt es zu einer Leberentzündung mit Gelbsucht, Schädigung verschiedener Organe sowie inneren und äußeren Blutungen (Hämorrhagien). Die Sterblichkeit kann dann 60 bis 70 % betragen. Es gibt eine wirksame Impfung.

Das **Lassavirus** gehört in die Familie der Arenaviren. Lassafieber kommt natürlicherweise nur in Westafrika vor, wo sich in manchen Regionen bei der Hälfte der Bevölkerung Antikörper nachweisen lassen. Das tierische Reservoir ist ein Kleinnagetier. Die Übertragung erfolgt in der Regel durch Kontakt mit infektiösen Tierausscheidungen oder Patientenblut. Die Mehrzahl der Erkrankungen verläuft relativ mild mit grippeähnlichen Symptomen. Bei jedem fünften Infizierten kommt es allerdings zu schweren Verläufen mit einer Gesamtsterblichkeit von etwa 15 %.

Das **Rift-Valley-Fieber-Virus** gehört in die Familie der Bunyaviren. Die Erkrankung tritt meist in Ostafrika und im arabischen Raum auf. Das Virus ist hochpathogen für Rinder, Schafe und Ziegen und wird bei Tieren vor allem durch Mücken übertragen. Infektionen des Menschen treten meist im Zusammenhang mit Tierepidemien auf.

Beim Menschen kann das Virus außer durch Vektoren auch durch kontaminierte Aerosole oder direkten Kontakt zu infizierten Tieren sowie (ungenügend erhitzten) tierischen Lebensmitteln übertragen werden. Die Inkubationszeit beträgt 3 bis 6 Tage. Zumeist verläuft das Rift-Valley-Fieber beim Menschen als unspezifische febrile Erkrankung, begleitet von Kopf- und Muskelschmerzen. Bei etwa 10 % der Patienten kommt es zu Läsionen der Retina, was eine permanente Einschränkung des Sehvermögens zur Folge haben kann. Bei jeweils etwa 1 % der Patienten ist mit einem fulminanten, häufig tödlichen hämorrhagischen Verlauf mit Hepatitis bzw. einer schweren Enzephalitis zu rechnen.

Das **Krim-Kongo-Virus** gehört in die Familie der Bunyaviren. Eine Infektion mit diesem Virus ruft eine Erkrankung hervor, die häufig als hämorrhagisches Fieber verläuft. Die Erkrankung ist nach kurzer Inkubationszeit von einem bis maximal 12 Tagen hauptsächlich durch hohes Fieber charakterisiert. Hämorrhagische Verläufe gehen meist mit Leberschäden einher und sind nicht selten tödlich. *Hyalomma*-Zecken sind für das Virus zugleich Reservoir und Vektor. Eine Virusvermehrung findet in verschiedenen Wild- und Nutztieren statt. In Endemiegebieten infiziert sich der Mensch meist durch engen Kontakt zu Nutztieren und (ungenügend erhitzten) Tierprodukten. Eine Übertragung durch Zeckenstich ist ebenfalls möglich. Mensch-zu-Mensch-Übertragungen betreffen vor allem medizinisches Personal mit engem Kontakt zu Erkrankten (Blut, andere Körperflüssigkeiten). Endemiegebiete umfassen Teile Afrikas und Asiens (z. B. Naher Osten, Kleinasien) sowie Regionen in Südost-Europa.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2015 wurden in der Kategorie »Virale hämorrhagische Fieber (VHF), sonstige Erreger« 110 Fälle von Chikungunyafieber übermittelt (2014: 162 Fälle). Neben Fällen von Chikungunyafieber wurden in den vergangenen Jahren in dieser Erregerkategorie 3 Fälle von Ebolafieber (bei aus Westafrika zu Behandlungszwecken nach Deutschland evakuiertem medizinischen Personal), ein Fall von Lassafieber (2006, importiert aus Sierra Leone), eine asymptomatische Infektion mit Rift-Valley-Fieber-Virus als Co-Infektion zu einer letalen Hepatitis-A-Virus-Infektion (2008, Infektion er-

worben in Kenia) sowie 2 Fälle von Krim-Kongo-Virus-Infektionen (2009: ein US-Soldat, der sich in Afghanistan infiziert hatte, verstarb; ein in der Türkei infizierter Mann überlebte) übermittelt.

Chikungunyafieber

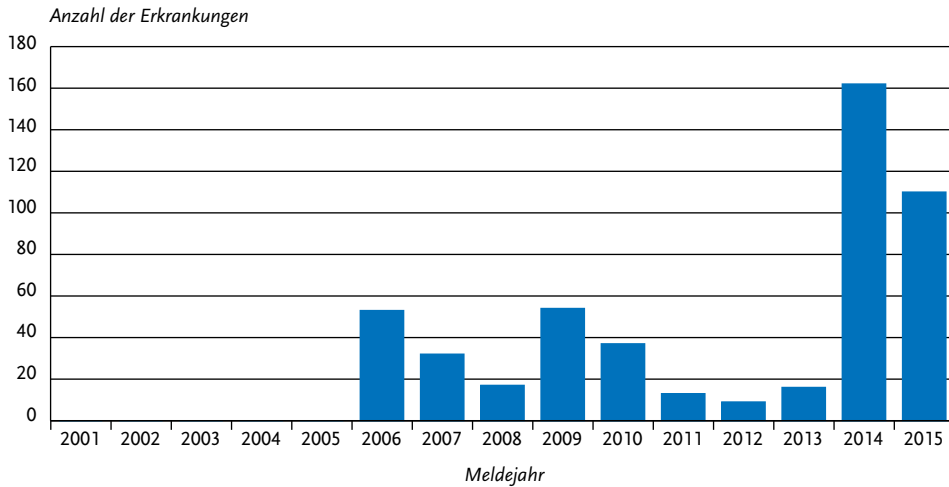
Im Januar 2005 kam es auf einigen Inseln vor der Ostküste Afrikas zu einer ausgeprägten Chikungunyavirus-Epidemie. Sie begann auf den Komoren und weitete sich dann auf La Réunion, Mauritius, die Seychellen sowie Madagaskar aus. Eine zweite Epidemie brach im Januar 2006 im Süden Indiens aus. Im Herbst 2007 kam es in Italien in der Provinz Ravenna (Region Emilia-Romagna) zu einem regional begrenzten Ausbruch von Chikungunyafieber mit etwa 200 Fällen. Vermutlich wurde das Virus durch einen mit Chikungunyavirus infizierten Reiserückkehrer aus Südindien (Kerala) in die Region eingeschleppt. Das Virus wurde in der lokalen Mückenpopulation (*Aedes albopictus*, Asiatische Tigermücke) nachgewiesen. In den letzten Jahren waren auch Länder in Südostasien zunehmend betroffen. Im Winter 2013/2014 kam es zu einem anhaltenden Chikungunyafieber-Ausbruch mit vielen Tausend Erkrankungsfällen auf verschiedenen Inseln der Karibik (vor allem betroffen Martinique, Saint Martin, Guadeloupe). Der Ausbruch breitete sich in gesamt Mittel- und Südamerika aus.

Im Jahr 2015 wurden in Deutschland 110 importierte Infektionen an Chikungunyafieber übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten. Im Jahr 2014 waren 162 Erkrankungsfälle und in den Jahren davor (seit 2006) jährlich 9 bis 54 Erkrankungsfälle an das RKI übermittelt worden (s. Abb. 6.54.1).

Im Jahr 2015 erkrankten 76 Frauen und 34 Männer. In den Altersgruppen der 25- bis 59-Jährigen traten 82 % (n=90) aller Erkrankungen auf. Die meisten Fälle wurden im I. Quartal (n=58) beobachtet.

Zwei Häufungen mit jeweils 2 Fällen, also Fällen mit gemeinsamer Reiseanamnese, wurden übermittelt. Hämorrhagische Verläufe gemäß WHO-Definition und RKI-Falldefinition sowie Todesfälle traten nicht auf. Für 109 Erkrankungsfälle lagen 110 Nennungen zu Infektionsländern vor (s. Tab. 6.54.1). Die meisten Chikungunyavirus-Infektionen wurden in Kolumbien (n=24; 22%), Nicaragua (n=22; 20%) und Jamaika (n=10; 9%)

Abb. 6.54.1:
Übermittelte Chikungunyafieber-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015



Tab. 6.54.1:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Chikungunyafieber-Erkrankungen, Deutschland, 2015 (Mehrfachnennungen möglich, 109 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Kolumbien	24	22 %
Nicaragua	22	20 %
Jamaika	10	9 %
Indien	5	5 %
Niederländische Antillen	5	5 %
Ausland (Land unbekannt)	5	5 %
Guatemala	5	5 %
Venezuela	4	4 %
Mexiko	4	4 %
Dominikanische Republik	3	3 %
Brasilien	3	3 %
Indonesien	3	3 %
Andere	17	15 %
Summe	110	100 %

erworben. Auf Mittel- und Südamerika entfielen insgesamt 83 % der Fälle, was deutlich die Epidemie in Mittel- und Südamerika widerspiegelt.

Literaturhinweise

Frank C, Faber M, Hellenbrand W, et al.: *Wichtige, durch Vektoren übertragene Infektionskrankheiten beim Menschen in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl-Gesundheitsforsch-Gesundheitsschutz 2014; 57:557–567.

Van Bortel W, Dorleans F, Rosine J, et al.: *Chikungunya outbreak in the Caribbean region, December 2013 to March 2014, and the significance for Europe*. Euro Surveill 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20759

RKI: *Reiseassoziierte Infektionskrankheiten 2013*. Epid Bull 2014; 42:407–415.

6.55 Windpocken

Kurzbeschreibung

Windpocken (Varizellen) sind die klinische Manifestation einer exogenen Erstinfektion mit dem Varicella-Zoster-Virus (VZV). Windpocken sind hochansteckend. Die Übertragung erfolgt durch Tröpfchen, aerogen, durch Schmierinfektion von Hautläsionen oder (sehr selten) auch diaplazentar. Das klinische Bild ist durch einen sich ausbreitenden Ausschlag an Haut und Schleimhäuten gekennzeichnet, beginnend im Gesicht und am Rumpf, bei dem Hautläsionen in verschiedenen Stadien (Papeln, Pusteln, Bläschen, Schorf) gleichzeitig vorhanden sein können.

Das Virus verbleibt in den Nervenzellen und führt bei endogener Reaktivierung zu einem zweiten Krankheitsbild, der Gürtelrose (Herpes zoster).

Falldefinition

Tabelle 6.55.1 enthält nur Fälle der Krankheitsform Windpocken. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Windpocken-Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen.

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2015 wurden insgesamt 23.130 Windpocken-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen. Windpocken traten saisonal auf, mit den meisten Fällen im Winter und zeitigen Frühjahr und den wenigsten Fällen im Sommer. Das Maximum lag in der 51. Meldewoche

mit 709 übermittelten Erkrankungen, das Minimum in der 35. Meldewoche mit 186 Erkrankungen (s. Abb. 6.55.1). Während der typische Frühjahrsgipfel im Jahr 2015 nicht so stark ausgeprägt war wie im Vorjahr, wurden in den letzten Wochen des Jahres 2015 deutlich mehr Fälle als im entsprechenden Zeitraum des Jahres 2014 übermittelt.

Geografische Verteilung

Die geografische Verteilung der Windpocken-Erkrankungen unterscheidet sich nur gering von der im Vorjahr. Die bundesweite Inzidenz lag bei 29 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (Vorjahr: 27). Wie im Vorjahr bestehen zwischen den Bundesländern große Inzidenzunterschiede. Während in Berlin (53), Bremen (52) und Sachsen (46) wie im Vorjahr die bundesweite Inzidenz jeweils um mehr als 50 % überschritten wurde, gehörten das Saarland mit 9,1 und Mecklenburg-Vorpommern mit 15 wieder zu den Bundesländern mit den niedrigsten Inzidenzen. In den anderen 11 Bundesländern lag die Inzidenz innerhalb einer Spanne von 18 und 35 (s. Abb. 6.55.2).

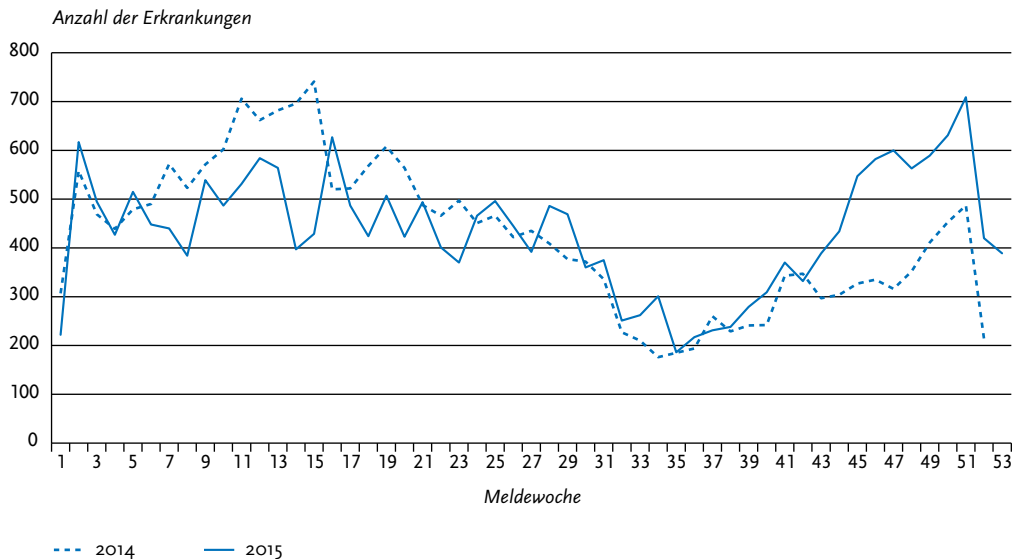
Demografische Verteilung

Wie schon im Vorjahr wurde die höchste altersspezifische Inzidenz bei Kindern im Alter von 3 und 4 Jahren mit etwa 301 (2014: 300) bzw. 300 (2014: 320) Erkr./100.000 Einw. beobachtet. Die Inzidenz lag bei Kindern im ersten Lebensjahr bei 181, stieg bei den 1- und 2-jährigen Kindern auf über 200 an und erreichte ähnlich hohe Werte (232) auch noch bei den 5- bis 9-jährigen. Während in

Tab. 6.55.1: Übermittelte Windpocken-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	15.846	72%	16.370	69%
klinisch-epidemiologisch (B)	4.700	21%	4.953	21%
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.602	7%	1.807	8%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)			253	1%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)			275	1%
alle	22.148	100%	23.658	100%
Referenzdefinition (A+B+C)	22.148	100%	23.130	98%

Abb. 6.55.1:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2014 (n=22.148) und 2015 (n=23.130)



der Altersgruppe der 10- bis 14-Jährigen die Inzidenz noch bei 83 lag, ging sie in den Altersgruppen der 15- bis 24-Jährigen auf Werte zwischen 13 und 20 zurück, lag bei den 25- bis 39-Jährigen zwischen 7,3 und 9,6 und bei den über 40-Jährigen bei unter 4. Insgesamt 70 % der Windpocken-Fälle entfielen auf die Altersgruppen der 0–9-Jährigen. Geschlechtsspezifische Inzidenzunterschiede waren in allen Altersgruppen nur gering, wobei die Gesamtinzidenz bei Jungen bzw. Männern leicht über der bei Mädchen bzw. Frauen lag (30 zu 27; Abb. 6.55.3).

Klinische Aspekte

Drei Patienten waren 2015 an den Windpocken verstorben; ein 30-Jähriger verstarb an einer Varizellen-Sepsis, bei einer 56-jährigen Frau war eine VZV-Infektion auf dem Totenschein vermerkt und eine 74-jährige immunsupprimierte Patientin (Nierentransplantation) verstarb an einem schweren septischen Schock aufgrund einer Varizellen-Pneumonie.

Impfstatus

Seit 2004 empfiehlt die Ständige Impfkommission (STIKO) die Impfung gegen Windpocken für

alle Kinder im Alter von 11 bis 14 Monaten mit einer und seit 2009 mit einer zweiten Impfung im Alter von 15 bis 23 Monaten. Fehlende Impfungen können jederzeit im Kindesalter nachgeholt werden. Darüber hinaus ist die 2-malige Impfung für weitere Personengruppen empfohlen, die für Windpocken empfänglich sind und entweder selbst ein erhöhtes Risiko für Windpocken-assoziierte Komplikationen aufweisen oder als Überträger der Windpocken auf solche Risikogruppen infrage kommen. Bis zum Alter von 12 Jahren kann die Impfung mit einem Kombinationsimpfstoff gegen Masern, Mumps, Röteln und Varizellen erfolgen. Außerdem stehen monovalente Varizellen-Impfstoffe für alle Altersgruppen ab 12 Monaten zur Verfügung. Wenn die Standardimpfung bei Kleinkindern nicht wie empfohlen zeitgleich zur Masern-Mumps-Röteln-Impfung erfolgt, ist ein Mindestabstand von 4 Wochen zu dieser einzuhalten. Der Impfschutz ist spätestens 42 Tage nach der Impfung hergestellt.

Treten Windpocken mehr als 42 Tage nach der Impfung auf, wird von Impfdurchbrüchen gesprochen. Bei Erkrankungsbeginn bis zu 42 Tage nach Impfung befanden sich die zuvor Exponierten entweder schon in der Inkubationszeit nach Kontakt,

Abb. 6.55.2:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2014 (n=22.145) und 2015 (n=23.127)

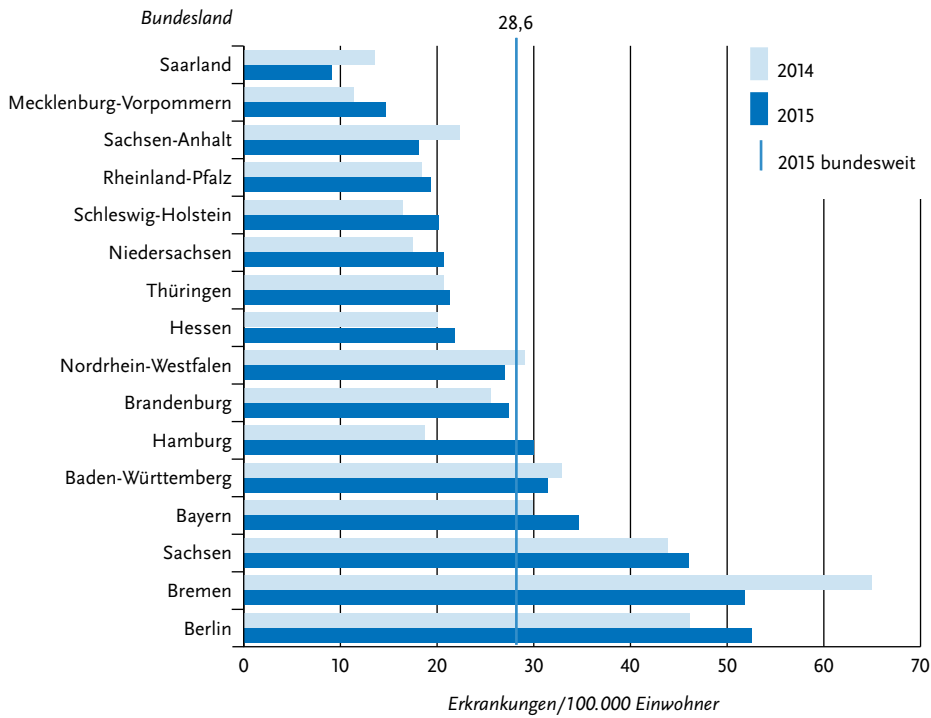
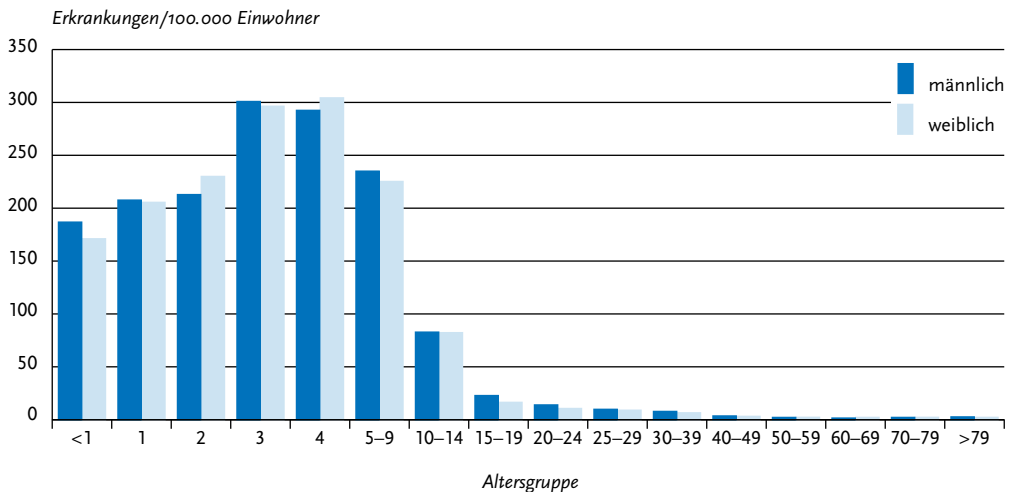


Abb. 6.55.3:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=22.939)



und die Impfung konnte den Ausbruch der Windpocken nicht mehr verhindern, oder es kann sich um sog. Impfvarizellen als direkte Folge der Impfung handeln.

Angaben zum Impfschutz lagen bei 18.445 (80 %) von 23.130 Fällen vor; die meisten Erkrankten ($n=15.872$; 86 % der Fälle mit Angabe zum Impfschutz) waren nicht geimpft. Von den 2.573 als geimpft übermittelten Fällen waren bei 831 (33 %) die Angaben zum Impfstatus unvollständig oder nicht valide (je 400-mal lagen gar keine oder keine konsistenten Angaben zur Anzahl der Impfungen und zum Impfdatum vor, 31-mal konnten der zeitliche Abstand zwischen Impfung und Erkrankung oder das Impfalter nicht valide bestimmt werden), sodass für diese Fälle keine Einschätzung über den Impfstatus zum Zeitpunkt der Erkrankung vorgenommen werden konnte. Von den 1.742 verbleibenden Fällen waren 187 nicht zeitgerecht geimpft (erste Impfung während der Inkubationszeit oder Impfungen erfolgten früher als durch Impfstoffzulassung und Impfeempfehlung angegeben). Für 635 Fälle kann ein unvollständiger Impfschutz mit nur einer Impfung zum Zeitpunkt der Infektion angenommen werden. Als wahrscheinliche Impfdurchbrüche müssen 920 Fälle nach 2 Impfungen eingestuft werden (Abb. 6.55.4).

Ausbrüche

Es wurden 1.171 Häufungen mit insgesamt 5.115 Erkrankungen übermittelt, d. h. etwa 22 % aller Fallmeldungen wurden Häufungen zugeordnet. Die 288 Häufungen mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen umfassten zusammen 2.942 Fälle. Der größte registrierte Ausbruch ereignete sich im Oberbergischen Kreis mit 53 Fällen im Alter von 2 bis 15 Jahren. Weitere große Ausbrüche wurden aus dem Ostalbkreis (43 Fälle bei 0–11-Jährigen), dem Stadtkreis Hamburg (39 Fälle; überwiegend 7–9 Jahre, aber auch je einmal 0 und 40 Jahre), dem Landkreis Mittelsachsen (37 Fälle zwischen 1 und 5 Jahren) und dem Stadtkreis Wuppertal (34 Fälle von 0 bis 6 Jahren und eine 30-jährige Frau) übermittelt. Von diesen Ausbrüchen waren jeweils vor allem Gemeinschaftseinrichtungen betroffen. Aus Niedersachsen wurde ein überregionaler Ausbruch unter Asylsuchenden mit 37 Fällen aus 8 Landkreisen berichtet.

Datenqualität

Eine genaue Abgrenzung der beiden Krankheitsformen Windpocken und Gürtelrose, die beide durch das Varicella-Zoster-Virus hervorgerufen werden, ist aufgrund der vorliegenden Informationen nicht immer möglich.

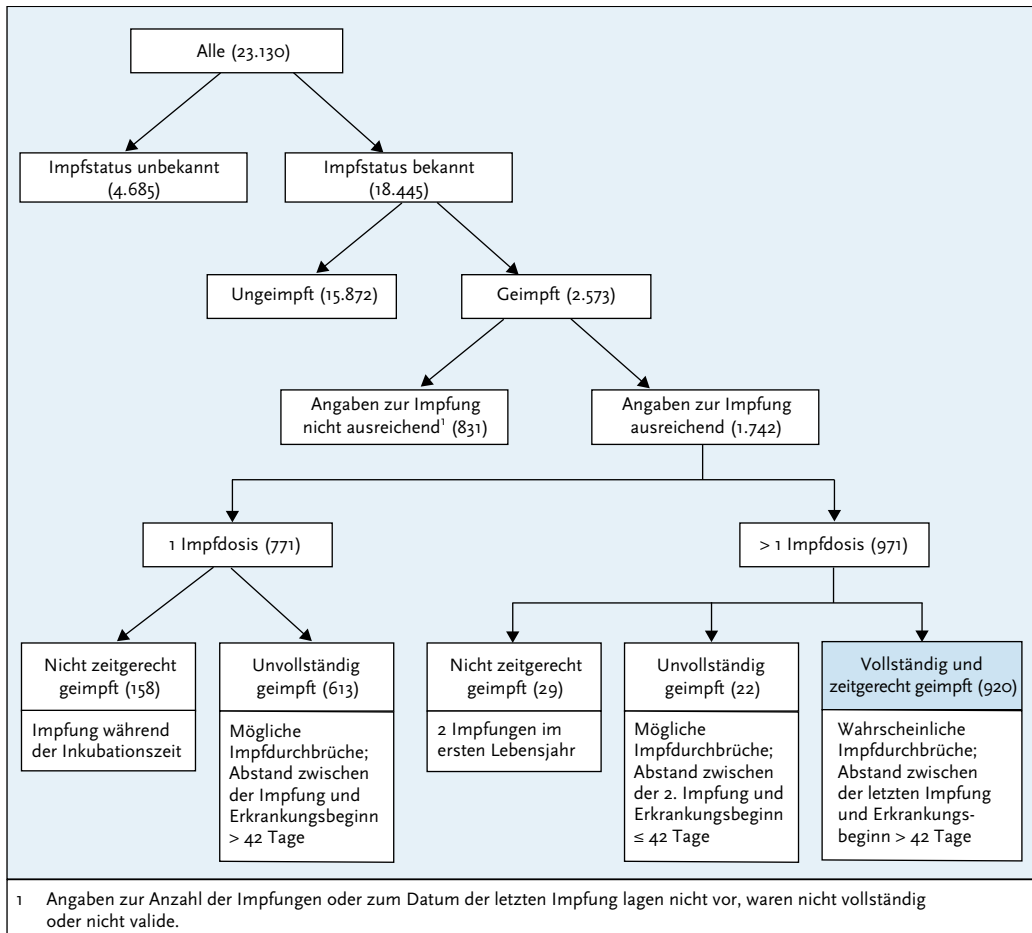
Fazit

Windpocken gehören zu den meldepflichtigen Krankheiten mit großen Fallzahlen. Die großen Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern deuten auf eine noch unterschiedliche Umsetzung der Meldepflicht hin, können aber auch durch regionale Ausbrüche oder durch unterschiedliche regionale Impfquoten beeinflusst sein. So verzeichneten die 3 Bundesländer mit den niedrigsten Windpocken-Inzidenzen 2015 (das Saarland, Mecklenburg-Vorpommern und Sachsen-Anhalt) die höchsten Windpocken-Impfquoten zum Schuleingang 2014. Umgekehrt gehören die Bundesländer mit den niedrigsten Impfquoten (Sachsen, Bremen und Bayern) zu den Bundesländern, deren Inzidenzen über dem Bundesdurchschnitt liegen. Die überwiegende Anzahl der im Jahr 2015 Erkrankten war nicht geimpft und die meisten Erkrankungen traten in den Altersgruppen auf, für die seit mehr als 10 Jahren eine Impfeempfehlung besteht. So lagen die höchsten altersspezifischen Inzidenzen auch im Jahr 2015 bei Kindern im Alter unter 10 Jahren mit einer nahezu gleich hohen Inzidenz der 1- bis 4-Jährigen im Vergleich zu den 5- bis 9-Jährigen. Da zum Zeitpunkt der Impfeempfehlung der Inzidenzspitzen bei Kindern im Alter zwischen 1 und 4 Jahren mit deutlichem Abstand zu allen anderen Altersgruppen geschätzt wurde, reflektieren die aktuellen Inzidenzen in dieser Altersgruppe einen Erkrankungsrückgang seit Einführung der generellen Impfeempfehlung, der auch durch Sentinel-Erhebungen bereits belegt wurde.

Literaturhinweise

- Horn J, Karch A, Damm O, et al.: *Current and future effects of varicella and herpes zoster vaccination in Germany – insights from a mathematical model in a country with universal varicella vaccination*. Hum Vaccin Immunother 2016; Feb2:1–11 [Epub ahead of print]
- Siedler A, Dettmann M: *Hospitalization with varicella and shingles before and after introduction of general childhood*

Abb. 6.55-4
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2015 (n=23.130)



varicella vaccination in Germany. Hum Vaccin Immunother 2014; 10:3594–600.

Siedler A, Dettmann M, Tolksdorf K, et al.: Laboratory investigations of vaccinated patients with varicella. Vaccine 2015; 33:1968–1973.

RKI: Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland, 2014. Epid Bull 2016; 16:129–134.

RKI: Neuerungen in den aktuellen Impfempfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am RKI vom August 2015. Epid Bull 2015; 35:363–373.

RKI: Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut/Stand: August 2015. Epid Bull 2015; 34:327–362.

6.56 Yersiniose

Kurzbeschreibung

Die enterale Yersiniose wird durch Bakterien der Gattung *Yersinia*, insbesondere *Y. enterocolitica* hervorgerufen. Die Infektion mit *Y. enterocolitica* kann über kontaminierte Lebensmittel vorwiegend tierischer Herkunft, kontaminiertes Trinkwasser oder in seltenen Fällen direkt über infizierte Personen erfolgen. Zum klinischen Bild gehören Durchfälle, in deren Folge es zu Gelenkentzündungen (reakti-

ve Arthritis) oder Entzündungen des Unterhautfettgewebes (Erythema nodosum) kommen kann.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf *Yersinia-enterocolitica*-Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.56.1).

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2015 wurden 2.752 Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt (2014: 2.498). Dies entspricht einer Inzidenz von 3,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2014: 3,1) und stellt

gegenüber dem Vorjahr eine Zunahme um 10% dar. Der mit Ausnahme von 2011 stetig fallende Trend der Fallzahlen seit 2002 hat sich damit nicht weiter fortgesetzt (s. Abb. 6.56.1). Eine stark ausgeprägte Saisonalität der übermittelten Fälle war nicht erkennbar.

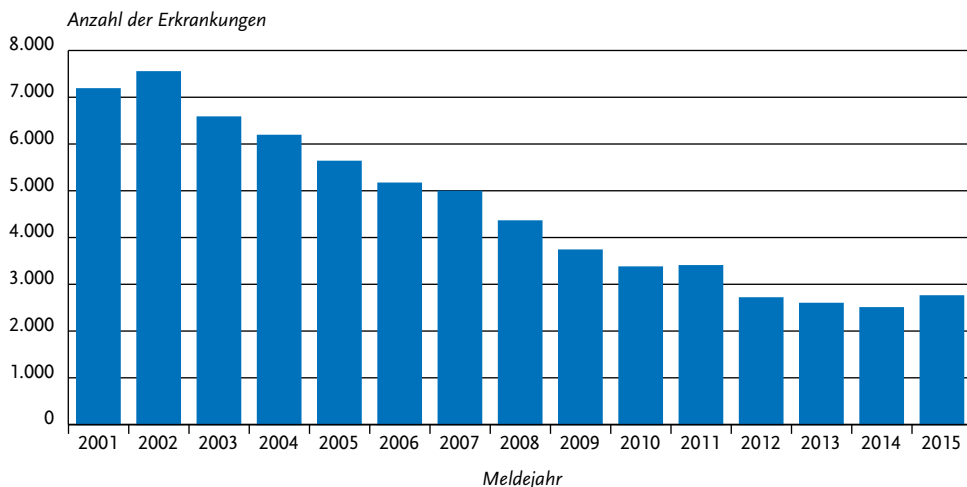
Geografische Verteilung

In den ostdeutschen Flächenbundesländern sowie in Rheinland-Pfalz und Hamburg lag die Inzidenz im Jahr 2015 über der bundesweiten Inzidenz (3,4 Erkr./100.000 Einw.). Besonders hohe Inzidenzen wurden – wie bereits in den Vorjahren – in Thürin-

Tab. 6.56.1: Übermittelte *Yersinia-enterocolitica*-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2014 und 2015

Kategorie	2014		2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	28	1%	13	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	2.470	90%	2.739	90%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	76	3%	70	2%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	165	6%	227	7%
alle	2.739	100%	3.049	100%
Referenzdefinition (B+C)	2.498	91%	2.752	90%

Abb. 6.56.1: Übermittelte Yersiniosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2015



gen (11 Erkr./100.000 Einw.), Sachsen (8,6) und Sachsen-Anhalt (7,8) registriert (Abb. 6.56.2). In diesen Bundesländern wurde eine besonders hohe Inzidenz bei Kindern im Alter unter 5 Jahren beobachtet (Thüringen: 110; Sachsen-Anhalt: 52; Sachsen: 50). Auch in folgenden Bundesländern lag die Inzidenz 2015 über dem jeweiligen Median der 5 Vorjahre: in Hessen (23 %), Nordrhein-Westfalen (10 %), Mecklenburg-Vorpommern (7 %), Sachsen (7 %) und Sachsen-Anhalt (1 %). In den übrigen Bundesländern war im Vergleich zum Median der Vorjahre ein Rückgang zu verzeichnen. Eine besonders starke relative Abnahme war in Bremen (59 %) und Schleswig-Holstein (50 %) zu beobachten (s. Abb. 6.56.2).

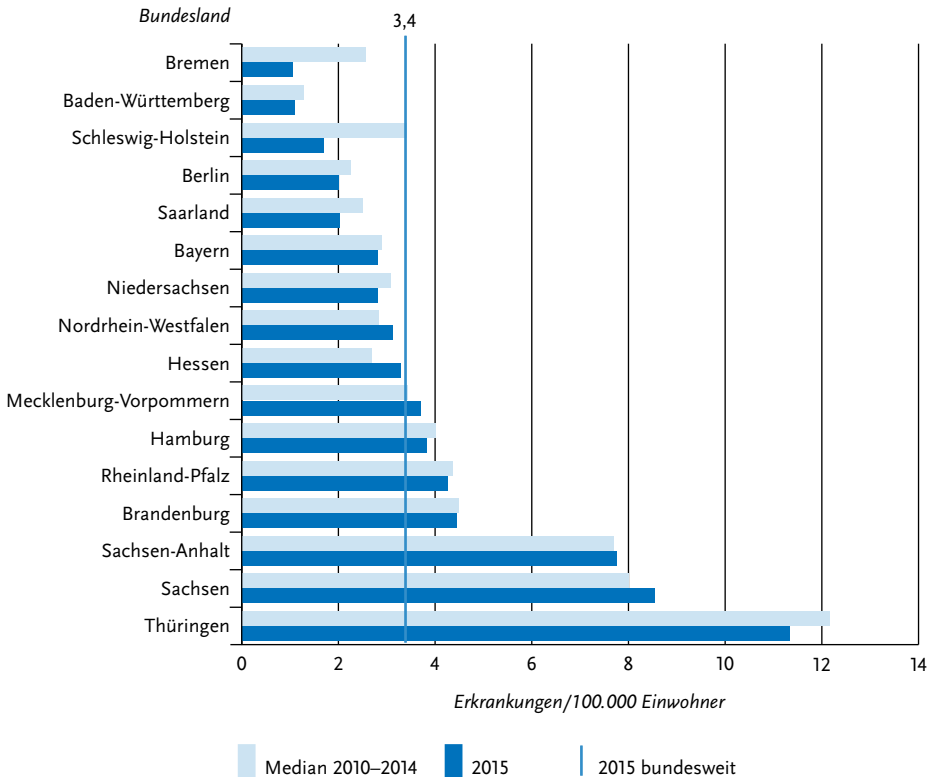
Bei 1.674 Fällen (61 %) wurden Angaben zum Infektionsland gemacht, wobei 93 % der Nennun-

gen auf Deutschland und 4 % auf ein anderes europäisches Land entfielen. Die am häufigsten genannten europäischen Länder waren Spanien (17 Nennungen) und Österreich (12). Unter den außereuropäischen Ländern wurden die Türkei (15) und Kuba (9) am häufigsten angegeben.

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz zeigte die höchsten Werte bei Kindern im Alter unter 5 Jahren mit einem Gipfel bei den 1- und 2-Jährigen. Die Inzidenz ging mit zunehmendem Alter zurück und verblieb im Erwachsenenalter auf niedrigem Niveau (s. Abb. 6.56.3). Männliche Personen (54 %) waren häufiger betroffen als weibliche Personen (46 %) und hatten dementsprechend auch eine höhere Inzidenz (3,8 Erkr./100.000 Einw. vs. 3,1).

Abb. 6.56.2: Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2015 (n=2.751) im Vergleich mit den Vorjahren



Nachgewiesene Erreger

Für 2.273 (83%) Erkrankungen wurde der Serotyp übermittelt. Bei 1.715 (76%) der Yersiniosen mit Angaben zum Serotyp wurde Serotyp O:3 nachgewiesen. Ein geringerer Anteil wurde von den Serotypen O:9 (10%, n=217) oder O:5,27 (2%, n=42) verursacht. *Y. enterocolitica* O:8, ein in Nordamerika endemischer Erregertyp, wurde bei 1% der Erkrankungen nachgewiesen (n=23).

Klinische Aspekte

Für 2.725 Yersiniosen wurden Symptome angegeben (5.726 Nennungen). Am häufigsten waren Durchfall (n=2.402; 42%), Bauchschmerzen (n=1.889; 33%) und Fieber (n=838; 15%).

Ausbrüche

Es wurden 17 Ausbrüche mit insgesamt 39 Erkrankungen übermittelt (2014: 18 Ausbrüche mit 55 Erkrankungen). Bei allen Ausbrüchen waren jeweils weniger als 5 Personen betroffen, bei 13 Ausbrüchen jeweils nur 2 Personen. Alle 12 Ausbrüche mit Angaben zum Infektionsumfeld ereigneten sich in Privathaushalten.

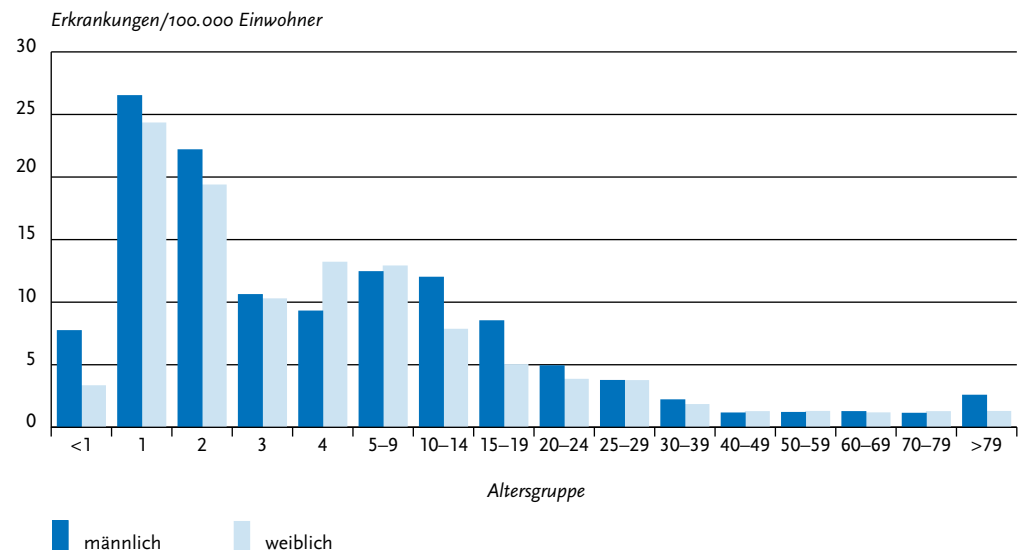
Fazit

Die Anzahl der übermittelten Yersiniosen hatte in den letzten Jahren bis 2014, mit Ausnahme von 2011, kontinuierlich abgenommen. Im Jahr 2015 ist erstmals wieder eine Zunahme zu verzeichnen. In der Mehrzahl der Bundesländer ist die Inzidenz 2015 im Vergleich zum Vorjahr angestiegen. Nach wie vor sind Kinder im Alter unter 5 Jahren am häufigsten betroffen. Vor allem in dieser Altersgruppe gibt es große Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern.

Literaturhinweise

- Rosner BM, Werber D, Höhle M, Stark K: *Clinical aspects and self-reported symptoms of sequelae of Yersinia enterocolitica infections in a population-based study, Germany 2009–2010*. BMC Infect Dis 2013; 13:112.
- Rosner BM, Stark K, Höhle M, Werber D: *Risk factors for sporadic Yersinia enterocolitica infections, Germany 2009–2010*. Epidemiol Infect 2012; 140:1738–1747.
- Rosner BM, Stark K, Werber D: *Epidemiology of reported Yersinia enterocolitica infections in Germany, 2001–2008*. BMC Public Health 2010; 10:337.
- RKI: *Yersiniose – Risikofaktoren in Deutschland*. Epid Bull 2012; 6:47–51.

Abb. 6.56.3:
Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2015 (n=2.749)



6.57 Zusätzliche Krankheiten von aktueller Bedeutung

Middle East Respiratory Syndrome (MERS)

Kurzbeschreibung

Das Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV) ist seit dem Jahr 2012 bekannt, als es erstmals bei einem in Jeddah (Saudi-Arabien), behandelten Patienten mit akuter Pneumonie und Nierenversagen identifiziert wurde. Bis zum 01.03. 2016 registrierte die Weltgesundheitsorganisation 1.644 Fälle, davon sind 590 (36 %) verstorben.

Ein Großteil der bekannten Fälle mit Information zu Alter und Geschlecht waren über 40 Jahre alte Männer. Das Erkrankungs- und demografische Spektrum der bekannten Fälle ist stark durch Surveillance-Aktivitäten und die dabei angewendeten Faldefinitionen beeinflusst. Eine typische Erkrankung beginnt mit Fieber und Husten, gefolgt von Atemnot. Häufig treten auch gastrointestinale Symptome auf. Die meisten Patienten entwickeln eine schwere Lungenerkrankung, insgesamt reicht das Krankheitsspektrum jedoch von asymptomatischen und leichten Infektionen bis zu tödlichen Verläufen. Der Großteil der Patienten, insbesondere derjenigen mit schwerem Krankheitsverlauf, hatte eine zugrundeliegende Erkrankung, wie z. B. chronisches Nierenversagen, Diabetes mellitus oder eine Herzerkrankung.

Sämtliche bekannten Fälle hatten eine Verbindung mit Ländern, die der arabischen Halbinsel zuzuordnen sind, vor allem Saudi-Arabien. Die meisten Erkrankungen traten in diesen Ländern auf. Wenige importierte Erkrankungen wurden auch in europäischen Ländern (Deutschland, Frankreich, Italien und im Vereinigten Königreich) identifiziert und in Einzelfällen kam es zu Sekundärinfektionen durch importierte Fälle.

Menschliche Fälle ereigneten sich sporadisch im Rahmen einer Übertragung durch Dromedare (als Zoonose) und sind vermutlich auch der Ausgangspunkt für Häufungen. Der hauptsächlichste Übertragungsweg für die meisten Erkrankungen erfolgte jedoch von Mensch zu Mensch, insbesondere unter Besuchern, Patienten oder Mitarbeitern von Gesundheitseinrichtungen, in denen Patienten mit MERS vorstellig, gepflegt oder behandelt

wurden. Bis jetzt wurden die meisten Fälle im Rahmen von Krankenhaus-Ausbrüchen gemeldet. Bei einigen dieser Ausbrüche waren mehr als 100 Fälle betroffen. Im Jahr 2015 ereigneten sich z. B. zwei große Krankenhaus-assoziierte Ausbrüche in Südkorea und Riad (Saudi-Arabien). Übertragungen im Haushaltsbereich sind dokumentiert, kamen jedoch eher selten vor. Bei einem nicht unerheblichen Teil der Infektionen war die Infektionsquelle unbekannt, da keine der genannten Übertragungsmodi in Zusammenhang gebracht werden konnte. Wichtig für die globale Risikoeinschätzung – aber auch für Deutschland – ist, dass es bisher noch keine Hinweise auf eine anhaltende Übertragung in der Allgemeinbevölkerung gibt, auch nicht in Ländern der arabischen Halbinsel. Es ist immer mehr Indizien dafür, dass Dromedare das Reservoir sind und eine wichtige Rolle für menschliche Erkrankungen darstellen.

Situation in Deutschland

Nach Deutschland importierte Krankheitsfälle sind jederzeit möglich, da ca. 1 Million Personen jährlich aus den Ländern der arabischen Halbinsel nach Deutschland einfliegen. Touristen sind vor allem dann einem erhöhten Risiko ausgesetzt, wenn sie Kamelmärkte besuchen, Kamelmilch konsumieren, oder auf andere Art und Weise Kontakt mit dromedarischen Kamelen, deren Produkten oder Ausscheidungen haben. Im Oktober 2012 und März 2013 wurden 2 Patienten, die ihre Infektion auf der arabischen Halbinsel erworben hatten, in deutschen Krankenhäusern behandelt, davon verstarb ein Patient. Die Untersuchung von Kontaktpersonen ergab in keinem der beiden Fälle einen Hinweis auf Sekundärinfektionen. Im März 2015 wurde in Deutschland zum dritten Mal ein MERS-Fall diagnostiziert. Es handelte sich um einen 65 Jahre alten Deutschen, der in die Vereinigten Arabischen Emirate gereist war. Nachdem der Patient die eigentliche MERS-CoV-Infektion erwirbt hatte, verstarb er an den Spätfolgen der Erkrankung. Als relevante Exposition kam vor allem der Besuch eines Kamelmarktes in Betracht. In einer Blutprobe einer engen Kontaktperson, die ebenfalls an der Reise teilgenommen hatte, wurden Antikörper gegen MERS-CoV nachgewiesen. Die Person war ebenfalls mit MERS-CoV infiziert, zeigte jedoch keine respiratorischen Symptome;

der Übertragungsweg ist unklar. Bei allen weiteren Kontaktpersonen, einschließlich des medizinischen Personals, konnte keine Infektion mit MERS-CoV festgestellt werden.

Literaturhinweise

- Korea Centers for Disease Control and Prevention: *Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus Outbreak in the Republic of Korea, 2015*. *Osong Public Health Res Perspect* 2015; 6:269–278.
- Drosten C, Meyer B, Müller MA, et al.: *Transmission of MERS-coronavirus in household contacts*. *N Engl J Med* 2014; 371:828–835.
- Barasheed O, Rashid H, Alfelali M, et al.: *Viral respiratory infections among Hajj pilgrims in 2013*. *Virol Sinica* 2014; 29:364–371.
- Müller MA, Corman VM, Jores J, et al.: *MERS coronavirus neutralizing antibodies in camels, Eastern Africa, 1983–1997*. *Emerg Infect Dis* 2014; 20:2093–2095.
- Reuss A, Litterst A, Drosten C, et al.: *Contact investigation for imported case of middle East respiratory syndrome, Germany*. *Emerg Infect Dis* 2014; 20:620–625.
- Drosten C, Seilmaier M, Corman VM, et al.: *Clinical features and virological analysis of a case of Middle East respiratory syndrome coronavirus infection*. *Lancet Infect Dis* 2013; 13:745–751.
- Buchholz U, Müller MA, Nitsche A, et al.: *Contact investigation of a case of human novel coronavirus infection treated in a German hospital, October–November 2012*. *Euro Surveill* 2013. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20406
- ECDC: *Severe respiratory disease associated with Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV). Rapid Risk Assessment*. <http://ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/MERS-rapid-risk-assessment-update-october-2015.pdf>.
- WHO: *Webseite der World Health Organization, Global Alert and Response, Coronavirus Infections 2014*. www.who.int/csr/disease/coronavirus_infections/en/.
- RKI: *Aktuelles zum MERS-CoV (Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus)*. *Epid Bull* 2015; 28:266–267.

7 Stichwortverzeichnis

A

Adenovirus-Konjunktivitis 51
AIDS 110
alveoläre Echinokokkose 66
Anthrax (Milzbrand) 168
Arenavirus 218
Ausbruch 43
aviäre Influenza 125

B

Bacillus anthracis (Milzbrand) 168
Bordetella parapertussis 127
Bordetella pertussis 127
Borrelia recurrentis 137
Botulismus 54
bovine spongiforme Enzephalopathie 60
Brucellose 55
BSE 60
Bunyavirus 218

C

Caliciviren 177
Campylobacter-Enteritis 56
Chikungunyafieber 218
Chlamydia psittaci 181
Cholera 59
CJK 60
Clostridium botulinum 54
Corynebacterium diphtheriae 65
Coxiella burnetii (Q-Fieber) 184
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit 60
Cryptosporidiose (Kryptosporidiose) 133

D

Darmmilzbrand 168
Denguefieber 62
Diphtherie 65
Dobrava-Virus (Hantavirus-Erkrankung) 86

E

Ebolafieber 218
Ebolavirus 218

Echinococcus granulosus 66
Echinococcus multilocularis 66
Echinokokkose 66
EHEC-Erkrankung 69
Einzelfallkontrolle 14
epidemiologische Bestätigung 20
Escherichia coli 69
Escherichia coli, enterohämorrhagische
Stämme 69

F

Falldefinition 20
Feldfieber (Leptospirose) 144
Filovirus 218
Flavivirus 218
Fleckfieber 74
Francisella tularensis (Tularämie) 215
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) 74
Fuchsbandwurm (Echinokokkose) 66

G

Gelbfieber 218
Giardiasis 79
Grippe (Influenza) 119

H

Haemophilus influenzae 82
hämolytisch-urämisches Syndrom 116
Hantavirus-Erkrankung 86
Hasenpest (Tularämie) 215
Hautdiphtherie 65
Hautmilzbrand 168
Hepatitis A 89
Hepatitis B 94
Hepatitis C 100
Hepatitis D 106
Hepatitis E 108
HIV-Infektion (humanes Immundefizienz-Virus)
110
Hospitalisierung 39
Hundebandwurm (Echinokokkose) 66
HUS 116

I

Infektionsschutzgesetz (IfSG) 13
Influenza 119

K

Keuchhusten 127
Kinderlähmung 184
klinisch-epidemiologisch bestätigt 20
klinisches Bild 20
Konjunktivitis 51
konnatale Listeriose 146
konnatale Röteln 192
konnatale Toxoplasmose 209
Krim-Kongo-Virus 218
Kryptosporidiose 133

L

labordiagnostischer Nachweis 20
Lambliasis (Giardiasis) 79
Lassafieber 218
Läuserückfallfieber 137
Legionärskrankheit 138
Legionellose 138
Lepra 144
Leptospirose 144
Listeriose 146
Lues (Syphilis) 204
Lungenmilzbrand 168
Lungenpest 183
Lungentuberkulose 210
Lyssavirus (Tollwut) 208

M

Malaria 151
Marburgvirus 218
Masern 155
Meldepflicht 14
Meningokokken 162
MERS 229
Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* 168
Middle-East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV) 229
Milzbrand 168
Morbus Weil (Leptospirose) 144
MRSA (Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus*) 168

Mumps 172

Mycobacterium leprae 144

Mycobacterium-tuberculosis-Komplex 210

N

namentliche Meldung 14
Neisseria meningitidis 162
Nephropathia epidemica (Hantavirus-Erkrankung) 86
neue Variante Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (vCJK) 63
Neugeborenen-Listeriose 146
nichtnamentliche Meldung 15
Norovirus-Gastroenteritis 177

O

Ornithose 181

P

Papageienkrankheit (Ornithose) 181
Paratyphus 182
Pest 183
Plasmodium 151
Poliomyelitis 184
postnatale Röteln 192
Psittakose (Ornithose) 181
Puumala-Virus (Hantavirus-Erkrankung) 86

Q

Q-Fieber 184

R

Rabiesvirus (Tollwut) 208
Rachendiphtherie 65
Referenzdefinition 21
Rickettsia prowazekii (Fleckfieber) 74
Rift-Valley-Fieber-Virus 218
Rotavirus-Gastroenteritis 187
Röteln 192
Rubellavirus 192
Rückfallfieber 137
Ruhr, bakterielle (Shigellose) 200

S

Salmonella außer Typhus, Paratyphus 197
Salmonella enterica 182, 216
Salmonella Enteritidis 197
Salmonella Java 197
Salmonella Paratyphi 182
Salmonella Typhi 216
Salmonella Typhimurium 197
Säuglingsbotulismus 54
Shigatoxin produzierende *E. coli* 69
Shigellose 200
Staphylococcus aureus, Methicillin-resistent 168
STEC 69
SurvNet@RKI 27
SurvStat@RKI 26
Syphilis 204

T

Tollwut 208
Toxoplasmose 209
Treponema pallidum 204
Trichinellose 210
tuberkuloide Lepra 144
Tuberkulose 210
Tularämie 215
Typhus abdominalis 216

V

Varizellen 221
vCJK 60
Verotoxin produzierende *E. coli* 69
Vibrio cholerae 59
Virale hämorrhagische Fieber 218
Virusgrippe 119
VTEC 59

W

Waterhouse-Friderichsen-Syndrom (Meningokokken, invasive Erkrankung) 162
Windpocken 221
Wundbotulismus 54

Y

Yersinia pestis 184
Yersiniose 225

Z

zystische Echinokokkose 66

Impressum

Infektionsepidemiologisches Jahrbuch
meldepflichtiger Krankheiten für 2015
Robert Koch-Institut, Berlin, 2016

ISBN

978-3-89606-270-3

Herausgeber

Robert Koch-Institut
Nordufer 20
13353 Berlin

Verantwortlicher Redakteur

Dr. Andreas Gilsdorf
Abteilung für Infektionsepidemiologie
Robert Koch-Institut

Bestellung

(nur bei Einsendung eines rückadressierten
und mit 2,60 € frankierten Umschlags
für das Format DIN A4)
Robert Koch-Institut
Abteilung für Infektionsepidemiologie
Kennwort »Jahrbuch«
Postfach 65 02 61
13302 Berlin

Satz

Fotosatz Voigt, Berlin

Druck

ASTOV Verlagsgesellschaft mbH, Berlin

Nachdruck

Nachdrucke aus dem Infektionsepidemiologischen Jahrbuch
sowie die Verwendung von Daten aus
SurvStat@RKI in Veröffentlichungen
sind unter Quellenangabe gestattet, jedoch nicht zu
werblichen Zwecken.

Vorgeschlagene Zitierweise:

»Robert Koch-Institut: Infektionsepidemiologisches
Jahrbuch für 2015, Berlin, 2016«

Ein Belegexemplar wird erbeten.

Das Robert Koch-Institut ist ein Bundesinstitut
im Geschäftsbereich des Bundesministeriums für Gesundheit